Stephen Oppenheimer

POŻEGNANIE Z AFRYKĄ

JAK CZŁOWIEK ZALUDNIŁ ŚWIAT

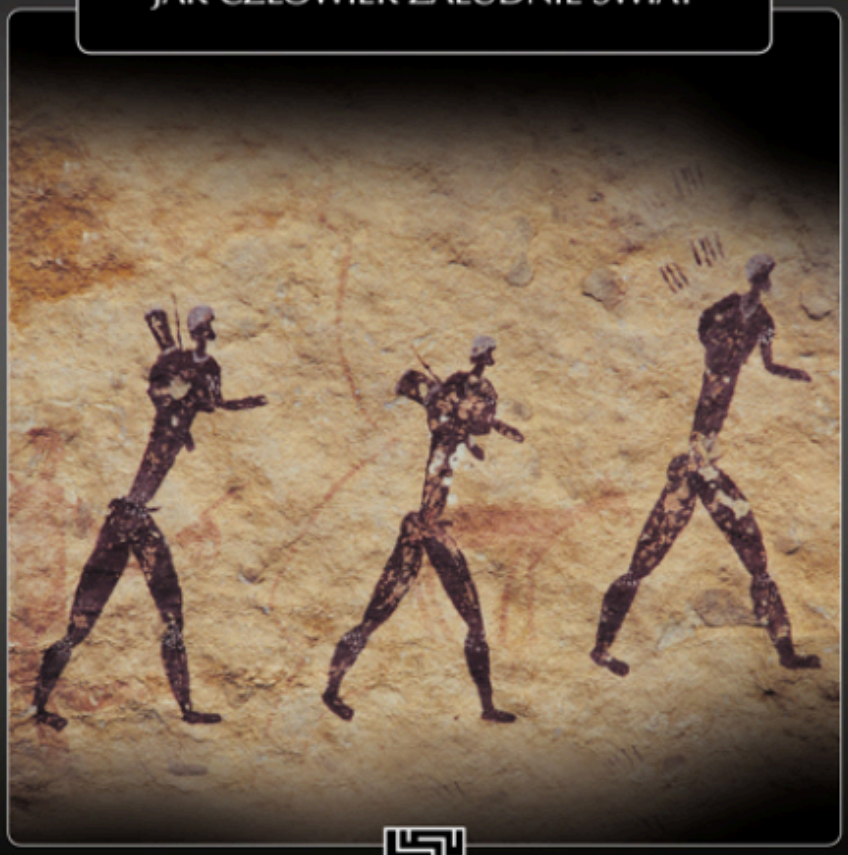
NA ŚCIEŻKACH NAUKI

Prószyński i S-ka

Stephen Oppenheimer

POŻEGNANIE Z AFRYKĄ

JAK CZŁOWIEK ZALUDNIŁ ŚWIAT



NA ŚCIEŻKACH NAUKI

Prószyński i S-ka

Plik jest zabezpieczony znakiem wodnym

Stephen Oppenheimer

POŻEGNANIE Z AFRYKĄ

Jak człowiek zaludnił świat

Przełożył
Krzysztof
Masłowski

Prószyński i S-ka

Tytuł oryginału
Out of Eden. The peopling of the world

Copyright © Stephen Oppenheimer 2003
First published in the UK by Constable,
an imprint of Constable & Robinson Ltd 2003
All rights reserved

Konsultacja naukowa
Olga Orzyłowska-Śliwińska

Projekt okładki
Prószyński Media

Ilustracja na okładce
SPL/Diomedia

Redaktor serii
Adrian Markowski

Redakcja
Anna Kaniewska

Korekta
Mariola Będkowska

ISBN 978-83-7839-819-6

Warszawa 2013

Wydawca
Prószyński Media Sp. z o.o.
02-697 Warszawa, ul. Rzymowskiego 28
www.proszynski.pl

Moim bliskim: córce Maylin i synowi Davidowi, żonie Fredzie, ojcu i matce

Aby wiedzieć, dokąd zmierzamy,
musimy wiedzieć, gdzie jesteśmy;
aby to wiedzieć, musimy wiedzieć, skąd pochodzimy

Filipińska wersja przysłowia z Oceanii

Podziękowania

Od czasu opublikowania przed szesnastu laty przełomowej pracy Canna, Stonekinga i Wilsona na temat naszego wyjścia z Afryki wielu badaczy z różnych krajów całego świata wniosło swój wkład w zrozumienie naszej przeszłości dzięki stworzeniu drzew genetycznych współczesnych ludzi rozumnych[1]. Wśród nich są uczestnicy badań, pracownicy laboratoriów, doktoranci i doktorzy, aż po szefów poszczególnych laboratoriów. W miarę możliwości starałem się uznawać ich zasługi, cytując odpowiednie prace; jednakże choć doceniane i cytowane publikacje są najważniejszym widocznym efektem pracy uczonych, często ich wartość nie wynika jedynie z samej treści oraz staranności i ciężkiej pracy autorów, lecz także zależy od trudno uchwytnej ich istoty, mianowicie od zawartych w nich idei. Idee jak doskonałe dźwięki przekazywane z ust do ust często odrywają się od swych źródeł. Rzadko są bezpośrednio doceniane, a w pracach wielu autorów dotarcie do ich istoty bywa trudne.

Pionierskie badania mitochondrialnego DNA prowadzili w USA w latach siedemdziesiątych XX wieku Wesley Brown i Douglas Wallace. Nieżyjący już Allan Wilson, najważniejszy z autorów publikacji Canna i innych z roku 1987, uchodzi za inspiratora działań, który pociągnął za sobą innych. W tej książce cytuję głównie prace z okresu późniejszego. Nasileniu badań w latach dziewięćdziesiątych XX wieku i na początku naszego stulecia towarzyszyło pojawienie się nowych postaci na scenie. Nie umniejszając wartości prac innych, chciałbym szczególnie podkreślić wkład grupy uczonych, których uważam za wewnętrzny krąg badaczy, pionierów „filogeograficznego

podejścia” do śledzenia prehistorycznych przemieszczeń ludzi. Rozproszonych w różnych częściach Europy, w pewnym sensie badaczy tych można wyróżnić dzięki oporowi, jaki ich metody budzą u innych genetyków. Genetycy z tego wewnętrznego kręgu to Martin Richards, Antonio Torroni, Silvana Santachiara-Benerecetti, Toomas Kivisild (pracujący z Richardem Villemsem) oraz Peter Forster. Ich pracę zrewolucjonizowała matematyka, konieczna do budowania nowych drzew genetycznych. Chciałbym też wspomnieć zajmującego się wieloma dziedzinami matematyki Hansa-Jürgena Bandelta oraz Vincenta Macaulaya, fizyka, statystyka i matematyka, który opracował pionierskie metody i pomógł wielu zespołom, w tym grupie pracującej ostatnio w Rosji i w Chinach. Na silnie konkurencyjnym polu badań członkowie tej grupy w zadziwiającym stopniu dzielą się między sobą informacjami i poglądami. Pionierskie prace nad obrazem chromosomu Y rozpoczęli angielscy genetycy z Leicester (Mark Jobling i Matt Hurles) i Oksfordu (Chris Tyler-Smith), których wkrótce wyprzedziły dobrze finansowane amerykańskie laboratoria. Ich najlepszym przykładem są grupy Petera Underhilla (pod kierownictwem Luki Cavalli Sforza) i Mike’a Hammera. Dzięki opracowaniu zestawu znaczników genetycznych udało im się dokonać wielkiego postępu w doprowadzeniu drzewa chromosomu Y do poziomu szczegółowości drzewa mitochondrialnego DNA (mtDNA). mtDNA jest stosunkowo krótkie, co limituje liczbę dostarczanych danych. Chromosom Y na pewno dostarczy ich więcej, choć nadal datowanie na tym drzewie sprawia problemy. W poznawanie informacji przekazywanych nam zarówno przez mitochondria, jak i chromosomy Y znaczny wkład wniósł Lluis Quintana-Murci (obecnie pracujący w Paryżu).

Jeżeli nie wyrażałem własnych idei i opinii, we wszystkich przypadkach sygnalizujących istotny postęp cytowałem odpowiednie publikacje. Przypisy zawierające spis publikacji pełnią dwie ważne funkcje; jedną jest uwiarygodnienie opinii wyrażanych w tekście, a drugą, równie ważną, wyrażenie uznania tam, gdzie jest to stosowne. Popularne książki o genetyce publikowane bez bibliografii niosą ryzyko sprawienia na czytelniku wrażenia, że autor wszystko sam opracował i wymyślił. Jednakże cytowanie publikacji to tylko

jeden aspekt spłacenia długu, jaki zaciągnąłem, kompilując tę książkę. Pisząc ją, skorzystałem z przeogromnej bezpośredniej pomocy wielu ludzi, którzy poświęcili mi ogrom czasu i okazali mnóstwo cierpliwości, tłumacząc różne zagadnienia, konstruktywnie krytykując moje pomysły i przekazując własne widzenie spraw. Pierwszą i najważniejszą spośród tych osób jest Martin Richards, z którym dobry los mnie zetknął, gdy kilka lat temu jego szef był nieobecny. Martin nie ograniczał czasu, jaki mi poświęcił, również na krytyczne przeczytanie tej książki. Następni pod względem liczby godzin poświęconych na rozmowy telefoniczne ze mną i inną pomoc to Vincent Macaulay, Hans Bandelt, Peter Forster, Toomas Kivisild i Chris Tyler-Smith. W przypadku malezyjskich badań genetycznych ludów Orang Asli, oprócz brytyjskich współautorów Catherine Hill, Martina Richardsa, Williama Meehana, Jamesa Blackburna, Mike'a Warda i Douglasa Clarke'a, chciałbym również podziękować naszym zamorskim współpracownikom (na szczególną wdzięczność zasłużył Adi Taha, bez którego niezwykłych wysiłków nasze badania poniosłyby klęskę) oraz współpracującej ze mną malajskiej genetyczce Patimie Ismail, a także Davidowi Bulbeckowi, który dodawał mi odwagi, abym w badaniach ruszył w jego ślady. Na liście osób, którym wiele zawdzięczam, znaleźli się również Muhamad Mahfuz Bin Nordin i Norrulhuda Mohamad Halim, Norazila Kassim Shaari, Joseph Maripa Raja Antonio Torroni, Chiara Rengo, biorący udział w badaniach Orang Asli. Dziękuję także Departamentowi do spraw Orang Asli (Jabatan Hal Ehwal Orang Asli – JHEOA) i oczywiście Discovery Channel za finansowe wsparcie.

Również inni genetycy poświęcili mi swój czas i uwagę. Przez kilka lat pisania tej książki brałem udział w serii wspaniałych gościnnych seminariów organizowanych przez nieżyjącego już Ryka Warda, podczas których omawiano wiele aspektów bioantropologii. Tim Crow wyjaśnił mi sekrety chromosomu Y u ludzi. Chris Tyler-Smith, Peter Underhill, Mark Jobling, Matt Hurles, Mark Stoneking i Lluis Quintana-Murci udzielali mi dobrych rad. Roger Dawkins i Joe Williamson uprzejmie czytali moje dowody i w rekordowym tempie udzielali użytecznych rad.

Znaczną pomoc otrzymałem od archeologów: od Dereka Roe, który przekazywał mi praktyczną wiedzę o ostrzach, Andrew Sherratta, który skorygował kilka moich błędnych koncepcji na temat roli redukcji rozmiarów i sposobu oprawiania trzonków w paleolicie, po czym z ochotą przeczytał całą książkę i przekazał konstruktywne uwagi na temat prologu i rozdziałów 2–3, oraz Davida Bulbecka, który przeczytał rozdziały 4–7, przyglądając się tekstowi z punktu widzenia archeologa i antropologa. Zuraina Majid wyjaśniła mi kulturowe następstwa stosowania narzędzi otoczakowych z doliny Lenggong. Susan Keates pomogła w wyszukiwaniu źródeł oraz przeczytała rozdziały 5 i 6. Seife Berhe zorganizował moją wizytę terenową w Erytrei i uprzejmie pokazał mi odkryte przez siebie starożytne rafy. Ipoi Datan ułatwił mi wizytę w jaskiniach Niah. Graeme Barker, Ian Lilley, Chris Stringer, Mike Morwood, Tim Reynolds, Beatrice Clayre, Sandra Bowdler, Rob Foley, Marta Lahr, William Davies, Paul Pettitt poświęcili mi swój czas i podzielili się opiniami.

Nie jestem w stanie odpowiednio odwdzięczyć się moim agentom Julianowi Friedmannowi i Carole Blake; polecam ich każdemu, kto ma szczęście zostać ich klientem.

Moi wydawcy Constable & Robinson okazali wiele cierpliwości i dobrej woli w przekształcenie czegoś napisanego w pewnej mierze dla akademików w tekst bardziej dostępny i pociągający. Myślę, że dobrze się z tego zadania wywiązali. Na szczycie listy osób, którym to zawdzięczam, znajduje się zespół wydawniczy: Pete Duncan (mój redaktor), John Woodruff, Anna Williamson, Sara Peacock i Jane Anson, Gary Chapman, Sallie Robins, Jennifer Duthie i inni. Ilustrator Bill Smuts przekształcił moje liczne szkice we wspaniałe mapy. Pomogło mi również wiele osób, których wyżej nie wymieniłem. Georgina Harvey, która przeszukiwała dla mnie literaturę i wyszukiwała informacje na temat Toby, skontaktowała mnie z oceanografem Eelco Rohlingiem, który objaśnił mi prehistorię zasolenia Morza Czerwonego. Stary przyjaciel George Wells zapoznał mnie w wystarczającym stopniu z 200-letnią historią dwóch paradygmatów powstawania języków. Roger i Geeta Kingdon wskazali mi pracę Jonathana Kingdona, a John Robinson był

wspaniałym źródłem wiedzy. Dziękuję również mojej żonie Fredzie, która zawsze robiła zdjęcia lepsze od moich i wspierała mnie we wszystkim. Wyrażone powyżej słowa uznania nie oznaczają oczywiście, że wspomniane osoby zgadzają się zawsze z poglądami wyrażonymi w tej książce.

1 Użyty przez autora termin *modern people* można różnie tłumaczyć, jako ludzi nowoczesnych, współczesnych lub rozumnych w znaczeniu jedynego żyjącego obecnie gatunku człowieka. Ostatnie określenie najlepiej odpowiada istocie rzeczy i jest najbardziej jednoznaczne, dlatego będę go konsekwentnie używać w tłumaczeniu (przyp. tłum).

Przedmowa

Wyobraź sobie kolejkę zgłaszających się do odprawy lotniczej w Chicago lub Londynie. Siedmioro ludzi spoglądających w różne strony. Pierwszy to radca prawny o afrokaraibskim pochodzeniu, za nim blond dziewczyna, której rodzina przyjechała z północy Europy, a dalej ekspert komputerowy z Indii. Czwartym jest nastoletni Chińczyk słuchający muzyki z walkmana. Na miejscach piątym, szóstym i siódmym stoją uczestnicy imprezy rockowej z Australii, Nowej Gwinei i Ameryki Południowej. Cała siódemka stoi spokojnie, unikając kontaktu wzrokowego, ponieważ się nawzajem nie znają ani nie czują między sobą żadnego związku. A jednak można udowodnić, że są skoligaceni i koniec końców mają wspólnych afrykańskich przodków w linii męskiej i żeńskiej.

We wszystkich naszych komórkach tkwią geny. Są zbudowane z DNA, podobnych do nici sekwencji kodów życia, decydujących o tym, kim jesteśmy, poczynając od paznokci, a kończąc na zdolności do gry na fortepianie. Gdybyśmy przeanalizowali geny którejkolwiek z tych siedmiu osób, moglibyśmy odkryć, jaką geograficzną drogę przebyli jej przodkowie, i cofnąć się do ostatecznego początku rodu w Afryce u zarania ludzkiego gatunku. Gdybyśmy poszli dalej, wybrali z kolejki dwie osoby i porównali ich geny, odkrylibyśmy ich wspólnego przodka, mieszkającego najprawdopodobniej poza Afryką (zob. rysunek 0.3). A ponadto zapewne dowiedzielibyśmy się, gdzie ich przodkowie mieszkali i kiedy opuścili rodzinne strony. Ostateczny dowód stał się w pełni możliwy dopiero w ostatniej dekadzie w wyniku pionierskiej pracy kilku osób.

Wielu z nas zdziwiłoby się, gdyby mogło wsiąść na pokład wehikułu czasu i ruszyć w podróż wstecz przez pokolenia swych

przodków. Dokąd taka podróż by nas doprowadziła? Czy mogłoby się okazać, że jesteśmy spokrewnieni z kimś sławnym i powszechnie znanym (choć byłoby to dalekie pokrewieństwo)? Ile pokoleń musielibyśmy minąć, by znaleźć się wśród pierwszych ludzi? Czy ta podróż doprowadziłaby nas dalej do małp, a za nimi do robaków i wreszcie do tworów jednokomórkowych, zgodnie z tym, co twierdził Darwin? Ze szkolnych lekcji biologii wiemy, że tak powinno się zdarzyć, ale podobnie jak z niepewnością, co się z nami stanie po śmierci, trudno to w pełni pojąć.

Jesteśmy teraz tak bardzo przyzwyczajeni do postępów techniki, że właściwie we współczesnym człowieku zanika poczucie cudowności. Jednakże aż do najnowszych czasów genetycy mogli jedynie pomarzyć o użyciu genów do śledzenia szczegółowej historii podbicia przez nas świata. Większość genów, które badali, przetasowywała się bowiem w każdym pokoleniu, ale ostatecznie cały ich zestaw był dla wszystkich pokoleń wspólny. Ich zadanie przypominało rekonstrukcję zakończonej gry w karty z paczki kart już *po* ich przetasowaniu. Niemal nieprawdopodobne było zatem dokładne nakreślenie genetycznego drzewa genealogicznego na przestrzeni choćby kilkuset lat, nie wspominając o cofnięciu się do początków naszego gatunku. Wiele ludzkich społeczności poza zewnętrznym wyglądem jest do siebie bardzo podobnych, więc skąd należałoby rozpocząć?

Wszystko zmieniło posłużenie się w ostatnim dziesięcioleciu specyficznymi dla płci liniami genetycznymi, tak zwanymi genami Adama i Ewy. W przeciwieństwie do wszystkich innych genów mitochondrialny DNA (zbiór genów spoza jądra komórki) jest dziedziczony tylko w linii żeńskiej, chromosom Y zaś tylko w linii męskiej. Te dwa zestawy powiązanych z płcią genów są przekazywane w niezmienionej postaci z pokolenia na pokolenia, bez przetasowań, można je więc śledzić wstecz u naszych przodków, aż do pierwszych ssaków, a nawet robaków i jeszcze dalej. Możemy zatem zbudować dwa genetyczne drzewa genealogiczne, po jednym dla ojców i matek. W rezultacie w każdym społeczeństwie, niezależnie od jego wielkości, możemy za pomocą jednego z tych drzew genetycznych śledzić dwie dowolne osoby aż do znalezienia

ich wspólnego przodka. Taki przodek mógł żyć 200, 5000 lub 150 000 lat temu, lecz niezależnie od tego musi mieć swoje określone miejsce na nowo zbudowanych genetycznych drzewach Adama i Ewy. Są to prawdziwe drzewa genealogiczne genetycznych linii współczesnych ludzi rozumnych; drzewa z prawdziwymi gałęziami. Każda gałąź na każdym drzewie może być datowana (choć dokładność tego datowania pozostawia nadal wiele do życzenia).

Wiele regionalnych drzew genetycznych zostało już do siebie dopasowanych, jak w wielkiej układance, w której zaczynamy od dopasowywania krawędzi, korzystając z ustalonych punktów orientacyjnych. W ten sposób obraz linii genetycznych Adama i Ewy rozprzestrzeniających się z Afryki w każdy zakątek świata został złożony z kawałków w ciągu ostatniej dekady. Praca dotarła do tego satysfakcjonującego punktu, gdy cała struktura nagle łączy się w całość i nabiera kształtu, a pozostałe kawałki, choć wokół leży ich jeszcze wiele, znajdują na drzewie i mapie miejsce z coraz większą szybkością i łatwością. Szybkość wzrosła tak bardzo, że badacze pracujący na wysuniętych pozycjach w jednym regionie geograficznym pozostają nieświadomi przełomowych zdarzeń w innym regionie. Całe rozgałęzione drzewo można teraz nałożyć płasko na mapę świata, aby pokazać, gdzie nasi przodkowie i ich linie genetyczne wędrowali, podbijając świat.

Nowa wiedza rozwiązała kilka oczywistych paradoksów wynikających z obserwowanych sprzeczności między historią kulturalną i biologiczną ostatnich 150 000 lat. Teraz możemy nawet już umieszczać wykopaliska szczątków ludzkich z różnych regionów świata we właściwych miejscach genetycznego drzewa życia. Znajdujemy odpowiedzi na wiele pytań. Okazuje się, że z dala od światowego genetycznego tygla, wielkich prehistorycznych wędrówek i wywołanego nimi zamieszania, większość członków diaspory ludzi rozumnych bardzo konserwatywnie trzymała się kolonii raz utworzonych przez przodków. Zamieszkiwali i zamieszkują w miejscach wybranych na długo przed ostatnim zlodowaceniem. Możemy również śledzić daty wybranych migracji w ciągu ostatnich ponad 80 000 lat. Tak więc mamy okazję przejść do badania wysoce

specyficznej, regionalnie zogniskowanej i rozgałęzionej sieci ludzkiej eksploracji.

Nowe drzewa genetyczne rozwiązały kilka innych dawnych problemów archeologicznych. Jednym z nich jest spór zwolenników teorii „wyjścia z Afryki" i teorii „multiregionalnej". Według pierwszej z nich wszyscy ludzie rozumni spoza Afryki pochodzą z pokolenia, które opuściło ten kontynent mniej niż 100 000 lat temu. Ten exodus wymiótł wszystkie wcześniejsze typy ludzkie na całym świecie. Multiregionaliści twierdzą przeciwnie, że archaiczne ludzkie populacje takie, jak *Homo neanderthalensis* (neandertalczycy) w Europie i *Homo erectus* na Dalekim Wschodzie, ewoluowały, zmieniając się w lokalne rasy, które widzimy dziś na całym świecie.

Teoria wyjścia z Afryki bierze dziś górę w tym sporze, gdyż nowe drzewa genetyczne prowadzą wstecz wprost do Afryki w ciągu ostatnich 100 000 lat[2]. W naszym drzewie genetycznym nie pozostały żadne ślady linii genetycznych Adama i Ewy z innych archaicznych gatunków, oczywiście z wyjątkiem korzenia, dzięki któremu możemy mierzyć nasz dystans genetyczny od neandertalczyków. Neandertalczyków rozpoznajemy bowiem po ich starożytnym mitochondrialnym DNA i wydaje się, że byli raczej naszymi kuzynami niż przodkami. Mamy z nimi innego wspólnego przodka, *Homo helmei*.

Zwolennicy teorii wyjścia z Afryki zwykle twierdzą, że Australijczycy, Azjaci i Europejczycy pochodzą z oddzielnych migracji *Homo sapiens* z Afryki. Nie jest to prawda: męskie i żeńskie drzewa genetyczne ujawniają tylko po jednej linii wywodzącej się z Afryki. To mój główny argument w tej książce. Nastąpiło tylko jedno główne wyjście ludzi rozumnych z Afryki – wszystkie linie genetyczne każdej płci miały tylko jednego wspólnego przodka, który był odpowiednio ojcem lub matką całego nieafrykańskiego świata.

Nasze uprzedzenia również dostały po nosie. Kilku europejskich archeologów i antropologów od dawna utrzymywało, że Europejczycy pierwsi nauczyli się malować, rzeźbić i rozwijać wyższą kulturę, a nawet mówić – tak jakby reprezentowali główny postęp biologiczny. Przeczy temu struktura drzewa genetycznego.

Australijscy Aborygeni są spokrewnieni z Europejczykami przez wspólnego przodka z okresu tuż po wyjściu z Afryki do Jemenu ponad 70 000 lat temu. Potem posuwali się krok po kroku wzdłuż wybrzeża Oceanu Indyjskiego, przeskakując w końcu z wyspy na wyspę, by przez Indonezję dotrzeć do Australii, gdzie w całkowitej izolacji rozwinęli własną unikatową i artystycznie pełną kulturę. Pierwszą kamienną sztukę Australii datujemy przynajmniej równie wcześnie jak europejską. Musi to oznaczać, że ludzie opuszczający Afrykę już umieli malować.

Inna stara archeologiczna kontrowersja dotyczy rozprzestrzenienia kultury neolitycznej w Europie z Turcji 8000 lat temu. Czy rolnicy z Bliskiego Wschodu zmietli i zastąpili europejskich myśliwych, czy nowe idee rozprzestrzeniały się bardziej pokojowo, przemieniając wcześniejsze paleolityczne społeczności myśliwsko-zbierackie? Odpowiedź genetyczna jest prosta: 80% współczesnych Europejczyków ma geny pochodzące od dawnych myśliwych i zbieraczy, a tylko 20% od bliskowschodnich rolników. Zasiedziali łowcy nie byli tak łatwi do pokonania[3].

Wreszcie zawsze z fantazją spekulowano na temat pochodzenia Polinezyjczyków. Thor Heyerdahl nie był pierwszy (faktycznie kapitan Cook był bliższy prawdy, mówiąc o związku Polinezyjczyków z Archipelagiem Malajskim). Przez ostatnich piętnaście lat archeolodzy myśleli, że Polinezyjczycy pochodzą z Tajwanu, jednak teorię tę obaliło drzewo genetyczne: przodkowie żeglarzy na wielkich łodziach wyruszyli w drogę ze wschodniej Indonezji[4].

Wracając do naszej kolejki na lotnisku, powinniśmy pamiętać, że również jesteśmy uczestnikami tej genetycznej opowieści, gdyż 99% pracy związanej z rekonstrukcją naszego starożytnego drzewa genetycznego wykonano dzięki współczesnemu DNA uzyskanemu z próbek przekazywanych dobrowolnie przez ludzi mieszkających dzisiaj w różnych częściach świata. Jest to opowieść o wzajemnych związkach członka wielkiej ludzkiej rodziny.

2 Cann R.L. et al., *Mitochondrial DNA and human evolution*, „Nature" 1987, nr 325, s. 31–36; Vigilant L. et al., *African populations and the evolution of human mitochondrial DNA*, „Science" 1991, nr 253, s. 1503–1507; Watson E. et al.,

Mitochondrial footprints of human expansions in Africa, „American Journal of Human Genetics" 1997, nr 61, s. 691–704.

3 Richards M. et al., *Tracing European founder lineages in the Near Eastern mitochondrial gene pool*, „American Journal of Human Genetics" 2000, nr 67, s. 1251–1276.

4 Ta historia została opowiedziana w: S. Oppenheimer, *Eden in the East*, Weidenfeld & Nicolson, London 1998; zob. także: Oppenheimer S.J., Richards M., *Fast trains, slow boats, and the ancestry of the Polynesian islanders*, „Science Progress" 2001, nr 84 (3), s. 157–181.

Prolog

Obecnie wielu antropologów twierdzi, że pochodzimy z Afryki, ale jak się o tym dowiedzieli? Gdybyśmy wszyscy mieli tych samych przodków, skąd wzięłyby się różne ludzkie rasy? Jak blisko te rasy są spokrewnione? Czy pojęcie „rasy" ma w ogóle sens? Czy wszyscy jesteśmy jedną rodziną, czy ewolucja Afrykanów, australijskich Aborygenów, Europejczyków i wschodnich Azjatów przebiegała równolegle, rozpocząwszy się z różnych źródeł? Dlaczego nam się to przydarzyło? Jakie wielkie siły ewolucji zmusiły potomków małp, którzy dopiero zeszli z drzew, do ruszenia w drogę, prowadzącą od przekroczenia afrykańskich sawann do wystrzelenia człowieka na Księżyc?

Pokazane przez BBC seriale dokumentalne *The Ascent of Man*[5] Jacoba Bronowskiego i *The Making of Mankind*[6] Richarda Leakeya były kamieniami milowymi, które wzbudziły ogólne zainteresowanie ewolucją człowieka. Jednakże jak w przypadku każdej kwestii wymagającej powszechnego uznania pozostawiły wiele pytań bez odpowiedzi. Dziś widzimy, że z powodu braku w owym czasie przekonujących dowodów przedstawiły wiedzę i interpretację niewolną od luk. Część z nich wypełniły późniejsze odkrycia archeologiczne i biologiczne, które jednak zrodziły kolejne pytania. Obecnie możemy skorygować nasze spojrzenie na przodków i przedział, jaki dzieli nas od nich i od wielkich małp, naszych żyjących kuzynów. Możemy też stawić czoła mitom stojącym niegdyś na drodze postępu.

Analiza DNA spowodowała niezwykły postęp w rozumieniu biologicznej historii współczesnych istot ludzkich. Jak zobaczymy, tak

zwane geny Adama i Ewy rzeczywiście pozwalają nam prześledzić wstecz w czasie i w przestrzeni wędrówkę ludzkiej rodziny wokół globu. Jednakże nie cały postęp zawdzięczamy biologii molekularnej. Od czasu prezentacji Leakeya przed ponad trzydziestu laty paleoantropologia, czyli badanie naszych przodków, posunęła się znacznie do przodu na kilku polach. Po pierwsze, znalezienie wielu nowych czaszek z wczesnego okresu, tak w Afryce, jak i poza nią, znacznie rozszerzyło czasową i geograficzną skalę badań wielokrotnych wyruszeń z Afryki podczas ostatnich dwóch milionów lat. Inne odkrycia czaszek ukazały gałąź łączącą naszych przodków z szympansami w okresie jeszcze wcześniejszym. Po drugie, analiza porównawcza kształtu czaszek z nadejściem ery szybkich komputerów została oparta na bardziej naukowych podstawach, dzięki czemu kluczowe czaszki ludzi prehistorycznych z różnych części globu mogą być teraz umieszczone bliżej konarów ludzkiego drzewa genetycznego i gałązek współczesnych potomków.

Na to podejście do definiowania gałęzi drzewa biologicznego ludzi rozumnych przez porównywanie czaszek do dziś rzuca cień rasistowska nauka związana z działalnością nazistowskich antropologów z połowy poprzedniego stulecia. Od końca lat sześćdziesiątych XX wieku inne pobudki, większy obiektywizm i rozwój matematyki pozwoliły paleontologom ustalić wiele szczegółów drzewa hominidów, a nawet ludzi rozumnych. Niestety, presja intensywnego zainteresowania społecznego i ciągły strach przed zaprzęgnięciem wyników w służbę nacjonalizmu i rasizmu zaprowadziły zachodnich antropologów na pole minowe politycznych eufemizmów mających uchronić przed uprzedzeniami. Choć zadaniem tego języka było jaśniejsze określenie różnic między ludźmi; wynik zaciemnił sprawę i utrudnił dyskusję. Na przykład „rasa” jest teraz określeniem niepoprawnym politycznie, a w niektórych kręgach tak samo nie uznaje się pojęcia „etniczności”. Taka nadwrażliwość powinna być traktowana raczej jako wyzwanie niż przeszkoda. Dyskusja o ludzkich różnicach staje się rasistowska, jeżeli w zamiarze prowadzi do konkurencji, wyłączenia i pogardy. Równie dobrze może być pozytywnym uznaniem naszej różnorodności.

W tej książce skupiam się głównie na pytaniach dotyczących naszej ostatniej historii sięgającej 200 000 lat, na które odpowiedź może dać prześledzenie wędrówki naszych genów. Aby właściwie wykonać tę pracę i zrozumieć, co nas skłoniło do eksploracji każdego zakątka globu, musimy przede wszystkim zadać sobie pytanie „dlaczego nas”? Siły, które kierowały naszą walką o przeżycie z przemożnymi przeciwnościami na sawannach Afryki, są kluczem do zrozumienia naszej natury i tej niezwykłej opowieści. Nie zostaliśmy tam „umieszczeni” w gotowej postaci istot myślących i unikatowych w świecie zwierząt. Zostaliśmy specjalnie wyselekcjonowani i uformowani przez dzikie, ślepe i bezmyślne środowisko. Jak wszystkie ewoluujące gatunki, mieliśmy swoich przodków i kuzynów, którzy dzielili z nami niektóre nasze zdolności, ale zginęli na skutek przeciwności losu. Nasza fizyczna i behawioralna adaptacja była skupiona na walce o przeżycie z naszym największym wrogiem i surowym nauczycielem, klimatem.

Jedna z nieśmiertelnych *Takich sobie bajeczek* Kiplinga opowiada o Słoniątku, które w tamtych dawnych czasach nie miało trąby i zamęczało swoich wujków i ciotki irytującymi pytaniami. Popełniło błąd, pytając Krokodyla, co zwykle jada na obiad. Krokodyl odparł, by Słoniątko schyliło się nisko, jeżeli chce usłyszeć odpowiedź. Gdy tylko to uczyniło, zacisnął silnie szczęki na nosie Słoniątka i pociągnął je w stronę rzeki. Po długim ciągnięciu za nos Słoniątko uwolniło się, ujrzawszy, że jego nos przekształcił się w piękną nową trąbę. Ta bajka Kiplinga, jak i inne tego rodzaju grają ostro na nosie Jean-Baptiste’owi Lamarckowi, ośmieszając jego teorię ewolucji przez dziedziczenie cech nabytych, lecz znajdujemy w nich ślad darwinowskiej rzeczywistości. Za pomocą środków, które nie sposób nazwać łagodnymi, Słoniątko uzyskało wyjątkowo przydatny, zmieniony nos, choć minęło sporo czasu, nim sobie to uświadomiło. Podobnie zmiany naszego mózgu, naszych swobodnych rąk i stóp oraz naszego życia rodzinnego i społecznego zostały wyselekcjonowane przez okrutną pogodę sprzed kilku milionów lat, a dla nabytych cech znaleźliśmy unikatowe nowe zastosowania.

Jedna z bardziej zaskakujących interpretacji powstała dzięki narastającemu zrozumieniu efektów zlodowaceń powtarzających się

cyklicznie w ciągu minionych dwóch i pół miliona lat ludzkiej ewolucji i ekspansji poza Afrykę. Ostre zmiany klimatu zwykle powodowały wymieranie wielu gatunków fauny, ale silnym zlodowaceniom, jak się zdaje, towarzyszyło pojawianie się nowych, lepiej sobie radzących ludzkich gatunków wraz z ekspansjami poza afrykańskie sawanny. Główną siłą wpływającą na ewolucję hominidów od znacznie dłuższego czasu wydaje się właśnie klimat. Naczelne mają w ogóle zręczniejsze ręce, stosunkowo większe mózgi, bardziej zróżnicowaną dietę i bardziej złożone życie społeczne niż większość innych współczesnych ssaków. Dziesięć milionów lat temu Afryka była bujnym rajem z rozległymi, otwartymi lasami, w których żyło kilka gatunków małp człekokształtnych. Nawet wówczas różne gatunki naczelne, nie tylko małpy, próbowały żyć na trawiastych przestrzeniach wokół wysp i półwyspów leśnych. Afrykańskie krainy traw od tego czasu rozszerzały się, gdy klimat ochładzał się i wysuszał, co zdarzało się cyklicznie z rosnącą częstością i ostrością.

CHODZĄCE MAŁPY CZŁEKOKSZTAŁTNE

Na podstawie efektów ostatniego zlodowacenia wiemy, że najgorsza faza cyklu klimatycznego, choć krótka, może spowodować wymarcia na dużą skalę. Tylko niedobitki ocalałe z takiego klimatycznego załamania mogą przenieść dalej swój typ genetyczny i zachować szczególne cechy, które być może zostały wyselekcjonowane przez środowisko. Około siedmiu-ośmiu milionów lat temu drastyczne zmniejszenie liczby gatunków małp człekokształtnych zbiegło się z kilkoma milionami lat globalnego ochłodzenia i ekspansji obszarów trawiastych. Niektórzy sugerują, że ta krótka epoka lodowa była czasem oddzielenia się naszych przodków od współczesnych szympansów. Najważniejsza początkowa zmiana fizyczna naszych przodków – dwunożność (bipedalizm), czyli chodzenie na dwóch nogach, może mieć swe korzenie w tej epoce. Jednakże najstarszy, pewny dowód dwunożności znajdujemy w szkieletach *Australopithecus anamensis*, dwunożnej małpy człekokształtnej

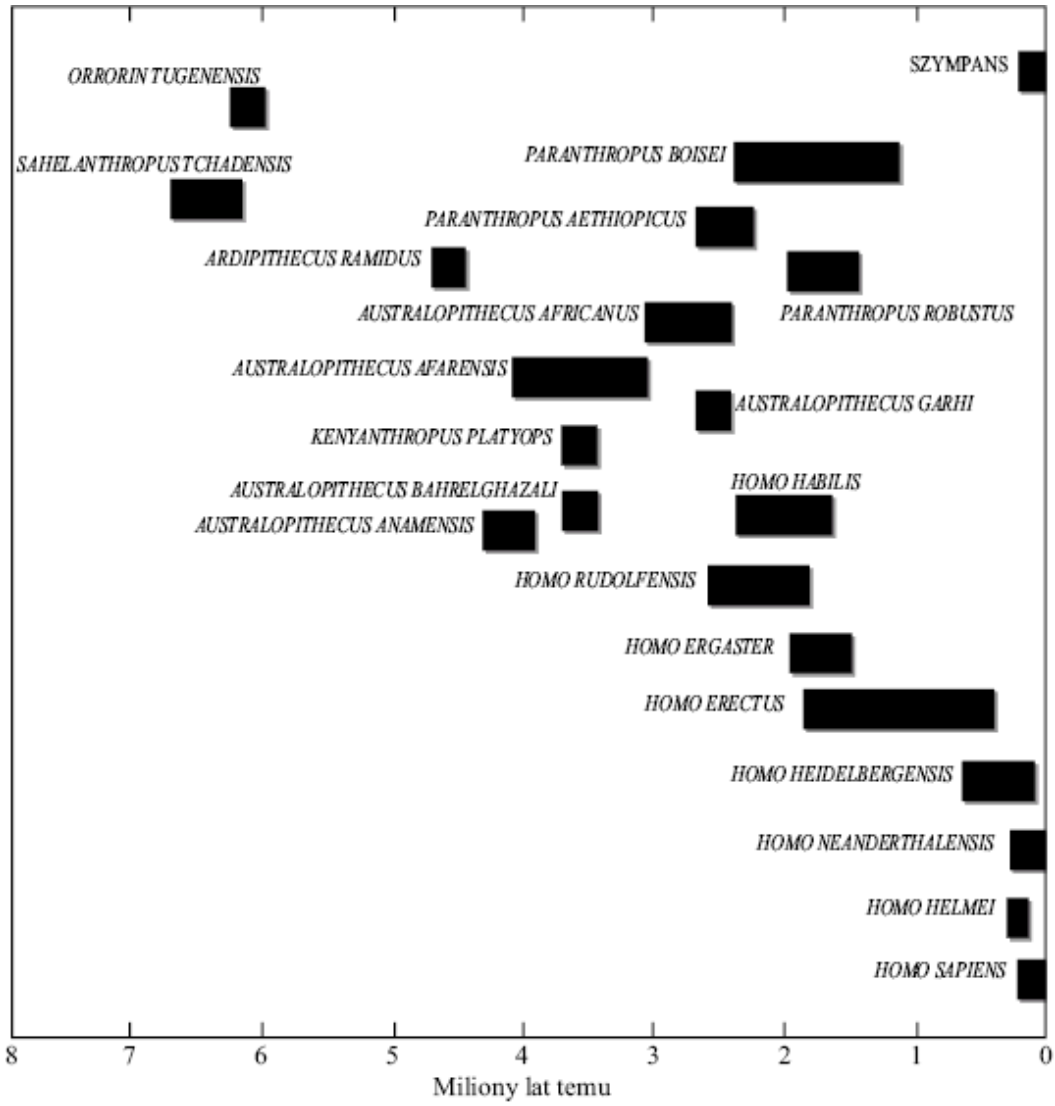
sprzed czterech milionów lat, znalezionych w 1995 roku na brzegach Jeziora Turkana w północnej Kenii.[7]

Wielu jest przekonanych o istnieniu związku przyczynowo-skutkowego między rozszerzaniem się obszarów trawiastych a przejściem od przydatnego w lasach poruszania się na czterech nogach do łatwiejszego wędrowania na dwóch po sawannach. Może to być prawdą, lecz – sądząc po zębatych drapieżcach, z którymi nasi przodkowie dzielili środowisko – niekoniecznie. Wczesne małpy człekokształtne prawdopodobnie nie oddalały się zbytnio na trawiastych terenach od leśnych wysp, które dawały im schronienie. Tak czy inaczej, inne naczelne, choćby przodkowie pawianów, doskonale radziły sobie na sawannach na czterech nogach (tak jak dzisiejsze pawiany).

Inni sugerowali alternatywne teorie wyjaśniające, dlaczego przejście do postawy dwunożnej było korzystne; miało mianowicie chronić przed przegrzewaniem głowy[8] lub – jak afrykańskim surykatkom – pomagać w ciągłej obserwacji drapieżców na równinie. Jednakże mózgi naszych przodków, jakkolwiek większe niż większości ssaków, nie przekraczały rozmiarami mózgów szympansich kuzynów, nie groziło im więc przegrzanie. Czym innym jest stawanie prosto – co czyni większość ssaków, w tym małpy, szympansy, niedźwiedzie i surykatki – a czym innym chodzenie na dwóch nogach przez długie okresy. Pomysł, że chodziło o uwolnienie rąk do innych celów, takich jak dzierżenie ciężkich kijów do polowania (lub raczej obrony przed drapieżnikami, gdyż nasi przodkowie byli wegetarianami), jest atrakcyjnym rozważaniem na temat działania sił ewolucji. Niestety, brak nam jakiegokolwiek bezpośredniego dowodu, kije bowiem poznikały, a kamiennych narzędzi z tego okresu nie znaleziono.

Po wczesnych chodzących małpach człekokształtnych, dla których istnienia mamy wciąż jedynie fragmentaryczne dowody, nastąpiła słynna rodzina „Lucy" – *Australopithecus afarensis.* Część kobiecego szkieletu Lucy odkrył Donald Johanson w roku 1974 w Hadarze w Etiopii. Podobni do niej osobnicy żyjący przed trzema-czterema milionami lat mierzyli od jednego do półtora metra, byli

zdecydowanie bardziej wyprostowani i dwunożni, a ich miednice – podobne do naszych. Powyżej szyi podobieństwo maleje, gdyż ich czaszki i mózgi były podobne do szympansich (375–500 cm^3 objętości), choć z mniejszymi psimi zębami. Ich samice były podobnie jak u goryli mniejsze, co sugeruje społeczność haremową. Inna dwunożna odmiana (*Australopithecus africanus*) żyjąca przed dwoma i trzema milionami lat, choć tych samych rozmiarów ciała, miała mózgi nieco większe od szympansów, średnio od 420 do 500 cm^3. Również ich zęby były mniejsze, bardziej przypominające nasze. Należy zaznaczyć, że ci dwaj dwunożni osobnicy nie są koniecznie krokami ewolucji prowadzącymi wprost do nas: naszymi przodkami w tym okresie mogły być równie dobrze inne jeszcze nieodkryte gatunki. Na przykład naszym najbliższym przodkiem mógł być ostatnio odkryty gatunek sprzed 3,6 miliona lat nazywany *Kenyanthropus platyops* – co dosłownie oznacza „płaską twarz" (rysunek 0.1). Ludzkie cechy „płaskiej twarzy" mogą stanowić pomost między chodzącymi na dwóch nogach małpami człekokształtnymi a nami. Pewne jest jednak, że przez kilka milionów lat, w czasie których *Australopithecinae* (południowe małpy człekokształtne) i ich bezpośredni przodkowie wędrowali po afrykańskich sawannach, obserwujemy jedynie umiarkowany wzrost rozmiarów mózgu.



Rysunek 0.1. „Drzewo nieuporządkowane". Przez osiem milionów lat ewolucji hominidów (w tym naszych najbliższych kuzynów szympansów) zwykle kilka gatunków żyło w tym samym czasie, więc kreślenie drzewa bezpośredniego pochodzenia na podstawie przypadkowo znanych szczątków kopalnych może być mylące – dlatego temu drzewu brakuje gałęzi.

ROZROST MÓZGÓW PODCZAS WIELKIEJ SUSZY

Nadchodziła zmiana, ponieważ około dwa i pół miliona lat temu świat zaczął się ochładzać. W ciągu miliona lat wilgotny i gorący okres pliocenu przechodził w lodową epokę plejstocenu. Był to

niszczący cykl powtarzających się wieków suchych zlodowaceń, którym w Afryce towarzyszyło czasowe rozszerzanie się obszarów trawiastych. Działo się tak do ostatniego zlodowacenia, którego okres szczytowy przypadł 18 000 lat temu. Wkrótce po rozpoczęciu tego niestabilnego, lodowego i suchego okresu pierwsze istoty ludzkie (rodzaju *Homo*) z kamiennymi narzędziami i większymi mózgami pojawiły się na scenie afrykańskich sawann. Tak jak kilka milionów lat wcześniej nastąpił podział na poruszających się na czterech lub dwóch nogach, tak teraz rozeszły się drogi potomstwa dwunożnych małp człekokształtnych. Gałąź znana jako *Paranthropus* rozwinęła większe szczęki służące do ścierania twardej roślinności, druga zaś, nazwana *Homo*, wytworzyła narzędzia, rozwinęła większe mózgi i wstąpiła na drogę zbieracko-łowiecką, która ostatecznie doprowadziła do nas.

Naturalnie jesteśmy skłonni uznawać ludzi za zbiór specjalny różny od innych małp człekokształtnych. Wielu sądzi, że to szczególnie wielki mózg uczynił nas tym, czym jesteśmy. Niektórzy uważają nawet, że wzrost naszego mózgu doprowadził do wytwarzania narzędzi, ale ten argument zdaje się nieprawdopodobny. Tworzenie dopracowanych kamiennych narzędzi, inaczej niż chodzenie na dwóch nogach lub zręczność manualna, może być unikatową cechą ludzi (i być może *Paranthropus*)[9], ale nawet szympansy używają zgrubnych, ale skutecznych narzędzi drewnianych, a mają mniejsze mózgi i oddzieliły się wcześniej niż małpy dwunożne. Chociaż z ostatnich siedmiu milionów lat nie zachował się żaden drewniany dowód, szympansy wciąż mają z grubsza taki sam rozmiar mózgu jak nasi przeciętni przodkowie żyjący na początku tego okresu. Podważa to twierdzenie o istnieniu silnego powiązania umiejętności tworzenia narzędzi z osiągnięciem krytycznych rozmiarów mózgu. Nie wyklucza to również możliwości, że wspólni przodkowie szympansów i ludzi wytwarzali narzędzia w tak dawnym okresie.

Jeden z najwcześniejszych ludzkich wytwórców narzędzi, *Homo habilis* (człowiek zręczny), miał mózg o średniej objętości 650 cm^3, ale wśród znanych czaszek tego gatunku jest jedna licząca 1,9 miliona lat z mózgiem o podobnej jak u szympansa objętości

jedynie 500 cm^3, co odpowiada maksymalnej objętości mózgu wcześniejszych *Australopithecinae*[10]. Niewielkie rozmiary ciała i mózgu oraz inne małpie cechy *Homo habilis* spowodowały sugestie niektórych antropologów, aby go wykreślić z rodzaju *Homo* i „klubu ludzkiego", ale pomimo dość silnych argumentów wydaje się to raczej wyrazem szkodliwego uzależnienia od rozmiarów niż postępowania opartego na naukowych podstawach. Nie jest prawdopodobne, aby *Homo habilis* byli naszymi przodkami w linii prostej (co można powiedzieć o większości hominidów), ale wytwarzali kamienne narzędzia.

Pomysł, że najpierw wykształciliśmy duży mózg, a potem decydowaliśmy, do czego ma służyć, jest negowaniem zasad darwinizmu. Nowy rodzaj zachowania zawsze poprzedza adaptację fizyczną, która ewoluuje, aby na tym zachowaniu skorzystać. Znacznie przed rozpoczęciem epoki lodowcowej plejstocenu musiały się pojawić niektóre aspekty naszego zachowania – zapewne coś, co miało nas przygotować do stawienia czoła wyzwaniu klimatycznemu – co wielkim, energochłonnym mózgom nadało wartość służącą przetrwaniu. Problem znajdowania żywności w coraz suchszym otoczeniu wystawiał na próbę zaradność naszych przodków. Wielkie mózgi musiały w sposób oczywisty jakoś temu służyć. Takie zachowanie musi nam służyć do dziś, gdyż w ciągu kolejnych poważnych zlodowaceń w czasie ostatnich dwóch i pół miliona lat pojawiły się w Afryce nowe gatunki ludzkie z większymi mózgami i bardziej złożonymi umiejętnościami. Gdy klimat przelotnie ocieplał się po apogeum każdego zlodowacenia, Sahara zazieleniała się na kilka tysięcy lat i nowe gatunki ludzkie mogły przedsiębrać próby wyjścia z Afryki i próbować szczęścia w Eurazji. Do miliona lat temu objętość mózgu różnych ludzkich gatunków żyjących w Afryce i poza nią urosła od 400 do 1000 cm^3, a nawet sięgnęła zakresu wielkości mózgu nowoczesnego człowieka. Innymi słowy, ludzkie mózgi wzrosły do trzech czwartych wielkości współczesnego mózgu na długo przed naszym pojawieniem się na scenie[11].

DLACZEGO NASZE MÓZGI TAK UROSŁY?

Istnieją różne sugestie dotyczące kluczowych zachowań selekcjonujących większe mózgi. Epoki lodowcowe ekstremalnie wysuszyły Afrykę, co mogło skłonić malejącą liczbę ludzi sawann do większej zaradności i współpracy. W takich warunkach możemy docenić wartość większych mózgów, ale dlaczego wzrosły *nasze* mózgi, a nie innych ssaków żyjących na obrzeżach sawann? Naszym charakterystycznym zachowaniem, z którym nie rozstaliśmy się do dziś, jest zamiłowanie do mięsa i warzyw. Pracująca w Londynie antropolożka Leslie Aiello i jej kolega Peter Wheeler (twórca teorii tak zwanej chłodnej głowy) sugerowali, że musimy jeść mięso, aby ułatwić wzrost naszego mózgu[12]. Mózgi, by działać, muszą spalać wiele kalorii, a do wzrostu wymagają wysokogatunkowego pożywienia. Jednak, jak przyznają Aiello i Wheeler, jest to bardziej środkiem niż motywem powodującym wzrost mózgu. Twierdzą również, że równoległe zmniejszenie wielkości ludzkich jelit, na co wskazuje zmiana kształtu klatki piersiowej *Homo ergaster*, jest dowodem zmiany prowadzącej do spożywania większej ilości mięsa niż roślin. Innymi słowy, najstarsi prawdziwi ludzie stracili wegetariańskie brzuszysko tak charakterystyczne dla australopiteków, ale ta zmiana klatki piersiowej wyprzedziła gwałtowny wzrost mózgu.

Wcześni praludzie tacy jak *Homo habilis*, *Homo rudolphensis* i *Homo ergaster* mogli być bardziej padlinożercami niż łowcami. Być może nauczyli się, że zbrojni w kije i kamienie mogą się uchronić przed zabijaniem przez większych drapieżców, a gdy rozwinęli umiejętność formowania narzędzi i sztukę wspólnego polowania, poczuli się pewniej. Jednakże bez dowodu wszystkie te argumenty o wpływie klimatu i jedzenia mięsa na powiększenie mózgu wczesnych ludzi pozostają w znacznej mierze akademickimi spekulacjami. Wiemy, że przynajmniej w Afryce *Homo erectus* używali kamiennych narzędzi do oprawiania mięsa[13], ale aby pokazać zależność między jedzeniem mięsa, pogarszaniem się pogody i wzrostem mózgu, musielibyśmy dokonać porównania

z czysto wegeteriańskimi naczelnymi żyjącymi w tym samym środowisku i w tym samym okresie.

Ostatnio Sarah Elton[14], antropolożka z Uniwersytetu Kent w Canterbury, dostarczyła go, ale jej wyniki raczej wstrząsnęły naszym poczuciem wyjątkowości ludzkiego pochodzenia. Mierzyła rozmiary mózgu wielu kopalnych czaszek naczelnych z okresu sprzed mniej więcej od dwóch i pół miliona lat (początek ochłodzenia) do półtora miliona lat temu. Badała dwie główne gałęzie hominidów, które rozeszły się w tym okresie – *Homo* i *Paranthropus*, obejmujące wszystkie sześć gatunków. Dla porównania z grupą naczelnych wybrała kilka prehistorycznych gatunków wielkich, żywiących się trawą, podobnych do pawianów małp *Theropithecus*, które żyły w tym samym środowisku w tym samym okresie. Wyniki były zdumiewające. Gatunki wielkich wegetariańskich małp nie wykazały w tym okresie skłonności do powiększenia rozmiarów mózgów, ale hominidy z obu gałęzi *Homo* (*ergaster* i *habilis*) oraz *Paranthropus* (*boisei*) tak. Co więcej, nie tylko pojawiło się kilka nowych gatunków *Homo* i *Paranthropus* z coraz większymi mózgami, lecz nastąpiły także wzrosty *wewnątrz* każdego gatunku z każdego rodzaju. Ostatnia informacja jest jeszcze silniejszym dowodem istnienia wspólnego zachowania selekcjonującego większe mózgi u wspólnych przodków gałęzi *Homo* i *Paranthropus*, lecz nie u innych współczesnych naczelnych. Pokrewny wzrost rozmiarów mózgu w obu gałęziach hominidów jest zdumiewający również z tego powodu, że linia *Paranthropus* miała potężne szczęki, co sugeruje przystosowanie do miażdżenia twardego pokarmu roślinnego. W okresie miliona lat, jaki Elton przestudiowała, średni rozmiar mózgów hominidów powiększył się ponaddwukrotnie, od 400 cm^3 do 900 cm^3.

Jeżeli porównamy tę wczesną erę fenomenalnego wzrostu mózgu z bardziej niedawnymi czasami ludzkości, dostrzeżemy nieciągłości między okresem starożytnym i współczesnym. Pomiędzy najwcześniejszym *Homo habilis* nieco dawniej niż dwa miliony lat temu a pierwszymi szczątkami kopalnymi tak zwanego *Homo rhodesiensis* z okresu 1,07–1,3 miliona lat temu[15], czyli w okresie

około 700 000 lat, objętość mózgu wzrosła dwuipółkrotnie. W czasie kolejnych 1,2 miliona lat, choć zauważamy skromne trendy wzrostowe, rozmiar mózgu powiększył się w przypadku pojedynczych ludzkich typów poza Afryką, tak jak u azjatyckiego *Homo erectus* i europejskich neandertalczyków, jedynie o 6%, co wystarczyło do osiągnięcia rozmiarów mózgu współczesnych ludzi. (W rzeczywistości w ciągu ostatnich 150 000 lat – rysunek 0.2 – nastąpiło ogólne zmniejszenie objętości mózgu ludzi współczesnych). Zatem z fizycznego punktu widzenia najwcześniejszy okres rozwoju człowieka był czasem najbardziej radykalnych zmian.

Te wyniki sugerują, że najwcześniejszy okres pogarszania się klimatu pod koniec pliocenu i zmian klimatycznych na przełomie pliocenu i plejstocenu selektywnie faworyzował wzrost rozmiarów mózgu różnych gatunków hominidów, ale nie czynił tego wobec innych naczelnych dzielących to samo środowisko. Co to oznacza? Po pierwsze, wspiera tezę, że wszystkie hominidy należące do gałęzi *Paranthropus* i *Homo*, wraz z ich wspólnym przodkiem, osiągnęły tę samą nową cechę zachowania selektywnie faworyzującą wzrost mózgu, a pozyskały ją przynajmniej na początku okresu ochłodzenia. Innymi słowy, behawioralne ziarna naszego gwałtownego rozwoju mózgu mogły tkwić już w dwunożnych małpach człekokształtnych dwa i pół miliona lat temu. Po drugie, podważa to nieco teorię mięsną, choć w jej obronie Elton podkreśla, że *Paranthropus* nie byli nigdy ścisłymi wegetarianami ani też niezdolnymi do tworzenia narzędzi ułatwiających pozyskiwanie żywności z różnych źródeł[16]. Po trzecie, selekcja związana z rozmiarami mózgu przyspieszyła najbardziej na początku pojawienia się naszego rodzaju, ponad dwa miliony lat temu.

Następnym problemem jest twierdzenie, że „jedzenie mięsa tworzy bystrych myśliwych". Wyższe naczelne nie były na afrykańskich sawannach jedynymi współdziałającymi myśliwymi, a nie widzimy lwów, hien ani likaonów wędrujących po południowoafrykańskich stepach z rozrośniętymi czaszkami. Możemy być pewni, ze ci zawołani drapieżcy mają większe mózgi i jak widać, lepiej kalkulują niż ich ofiary, ale nie ma żadnego porównania z ludźmi ani

z szympansami. Są prawdziwymi, wąsko wyspecjalizowanymi użytkownikami zębów, pazurów i muskułów. Hominidy przeciwnie, zawsze zachowywały mentalną i fizyczną zdolność do wykorzystywania zasobów żywności. Wciąż jemy rośliny – mnóstwo warzyw, owoców, liści, ziaren, orzechów i jagód. Nasze ręce i zęby stały się zdatne do ogólnego użycia i raczej zdolne do różnych zastosowań niż wyspecjalizowane. Jedyną cechą fizyczną, oprócz przeciwstawnego kciuka, jaką rozwinęliśmy w związku z naszymi rękami, jest część mózgu poświęcona sterowaniu nimi.

Znaczna liczba różnic w strategii żywieniowej, jaka oddziela nas od drapieżników, stanowi charakterystykę wspólną z naszymi najbliższymi naczelnymi krewnymi, szympansami. Łączy nas nawet społeczne znaczenie współdziałania w polowaniach. Zdumiewająca sekwencja filmów o szympansach polujących w Afryce na colobusy ujawnia odmienność polowania naczelnych łowców i wyspecjalizowanych drapieżników. Otóż przemyślni łowcy z rzędu naczelnych zaliczają stosunkowo znacznie więcej udanych akcji niż lwy. Mięsne łupy, choć bardzo przez nich cenione, nie stanowią jednak podstawy ich pożywienia. Nie wszystkie stada szympansów polują i nie wszystkie szympansy w polujących grupach dostają mięso. Do uczty dopuszczani mogą być jedynie zaufani pomocnicy i samice, z którymi dominujący polujący samiec chce kopulować. Polowanie wśród szympansów może być więc sprawą raczej prestiżową niż strategią przetrwania, tak samo jak wśród niektórych ludzi. Wybory seksualne upewniają, że polujące samce z większym powodzeniem przekażą dalej swoje geny. Wiemy, do czego prowadzi wymykający się spod kontroli dobór płciowy: do kogucich ogonów lub, być może, większych mózgów.

Odkładając na bok seksualne spekulacje, chcę zwrócić uwagę, że w poszukiwaniu zaczątków naszego sukcesu powinniśmy przyjrzeć się dokładniej zachowaniu naszych najbliższych krewnych. Historia naczelnych z ostatnich dziesięciu milionów lat nie jest historią wyspecjalizowanych przeżuwaczy, którzy postanowili skończyć ze zjadaniem roślin i zamiast nich rzucić się na roślinożerców, co wpłynęło na rozwój ich inteligencji. Jest to historia już inteligentnych, wielkomózgich, wszechstronnie przygotowanych

do leśnego życia osobników, o zdolnościach przystosowawczych zapewniających powodzenie nawet po zmianie naturalnego środowiska. Wszyscy zachowali zręczność pięciopalczastej dłoni, a ich zęby w większości raczej się zmniejszyły, niż zwiększyły.

Tylko w jednej grupie zbliżonych do człekokształtnych przodków szympansów zęby stały się większe. Jako panujący w swoim środowisku wykorzystywali w szerokim zakresie leśne pożywienie roślinne. W dążeniu do wszystkożerstwa eksperymentowali, zjadając zwierzęta mniejsze od siebie. W ostrym współzawodnictwie samców polowanie mogło stać się samonapędzającą się praktyką w walce o prestiż społeczny. Ani przodkowie szympansów, ani nasi, choć jako bystrzy i kooperatywni opanowali doskonale łowiectwo, nigdy nie zrezygnowali z wszechstronnej i zapewniającej przetrwanie w różnych warunkach zróżnicowanej diety ani z elastycznej współpracy społecznej pozwalającej na efektywną eksploatację środowiska.

Jedyną ważną fizyczną specjalizacją, jaką rozwinęli nasi przodkowie *Australopithecinae*, była unikatowa wśród ssaków umiejętność chodzenia na dwóch nogach. Czy było to przystosowanie się do życia na rozszerzających się sawannach, czy potrzeba chłodzenia głowy lub – co bardziej prawdopodobne – dążenie do uwolnienia rąk, zdarzyło się miliony lat przed nagłym przyspieszeniem powiększania naszego mózgu. Gdy pogoda poważnie się pogorszyła około dwóch i pół miliona lat temu, ich zachowanie i postura okazały się odpowiednie do dokonania następnego kroku. Ręce mieli wolne, głowy bystre i chłodne, a ich inteligentna współpraca w wykorzystywaniu zróżnicowanego jadłospisu, łącznie z mięsem, pozostawała zasadą. Suchy klimat jedynie wywarł na żyjących na sawannach naczelnych selektywną presję wymuszającą jak najlepsze wykorzystywanie malejących zasobów roślinnych. Zamiast naśladować wielkie koty w przekształcaniu kłów w szable i wydłużaniu pazurów, by stać się mięsożercami, zrobili to, co zawsze w przeszłości: użyli swych mózgów i rąk. Wbrew głęboko zakorzenionej zdolności przystosowawczej i społecznej współpracy, kilka unikatowych społecznych zachowań powiązanych z gwałtownym powiększeniem

mózgu pojawiło się nagle dwa i pół miliona lat temu, na początku epoki plejstocenu. Nowa cecha behawioralna przyniosła potencjał pozwalający na radzenie sobie z przeciwnościami klimatycznymi. Zdarzyło się to dwa i pół miliona lat temu, nim pojawienie się pierwszych ludzi zostało udokumentowane gwałtownym wzrostem mózgu, cechą dzieloną z siostrzanym rodzajem *Paranthropus*.

ZAWSZE NOWSZE MODELE

Choć dwa i pół miliona lat temu po afrykańskich sawannach nadal przechadzały się inne inteligentne małpy człekokształtne, w tym kilka rodzajów *Paranthropus*, skupimy uwagę na ludziach – na rodzaju *Homo*. Ludzie pod wieloma względami reprezentowali nową koncepcję ewolucyjną nie tylko z powodu powiększonych mózgów, mieszanej diety i mniejszych zębów, lecz również dzięki zachowaniom adaptacyjnym, w tym pierwszym narzędziom kamiennym formowanym przez najwcześniejsze gatunki.

Jeżeli *Homo habilis* uznamy za prototyp, to *Homo erectus* będzie człowiekiem wyznaczającym linię dalszego rozwoju – nowym rodzajem forda T. Jego sukces był nawet większy niż forda T, gdyż zdominował planetę na półtora miliona lat. Z ponurą, czujną twarzą, płaskim nosem i z początku szybko rosnącym mózgiem, *Homo erectus* od szyi w dół był podobny do nas. Posługiwał się kamiennymi narzędziami – z początku lekko obrobionymi otoczakami, a potem nawet bardziej wymyślnymi toporami. Jego afrykański protoplasta *Homo ergaster* był pierwszym człowiekiem, który przed 1,95 miliona lat opuścił Afrykę, aby stać się azjatyckim *Homo erectus*. Ci ostatni byli nieco mniejsi od nas i gwałtownie rozprzestrzenili się na Środkowym Wschodzie, w Rosji, w Indiach oraz na dalekim i południowym wschodzie Azji, niosąc ze sobą własną tak zwaną technologię narzędzi otoczakowych[17]. Istnieje kontrowersyjna teoria, że ich mniejszy poprzednik *Homo habilis* również dokonał takiego samego skoku w tym samym czasie. Jednakże lepiej udokumentowana jest teoria, że wszystkie

następujące po sobie ludzkie gatunki wyruszyły z Afryki z nadejściem pierwszego dostępnego ocieplenia między epokami lodowcowymi.

Zatem typ *Homo erectus* zdominował świat na niemal milion lat aż do nadejścia straszliwego ciągu epok lodowych, które wysuszyły większość Afryki ponad milion lat temu i spowodowały pojawienie się nowej, bardziej wyspecjalizowanej rodziny. Jej pierwszym afrykańskim przedstawicielem był *Homo rhodesiensis*. Miał podobne do naszych rozmiary, z mózgiem o objętości aż 1250 cm^3, używał wymyślniejszych kamiennych narzędzi, znanych jako aszelskie od nazwy francuskiej wsi, w której pobliżu po raz pierwszy znaleziono narzędzia tego stylu. Były wśród nich wielgachne płaskie kamienie o powierzchniach kształtowanych z obu stron tak, by utworzyć ręczny topór przypominający kształtem łzę. Nowy przybysz przewędrował najpierw z Afryki do Europy i być może do Chin podczas pierwszego krótkiego ocieplenia około pół miliona lat temu, niosąc ze sobą technologię aszelską[18].

Potem, około 350 000 lat temu, nadeszła sroga epoka lodowcowa, być może wymuszając około 300 000 lat temu pojawienie się na afrykańskiej scenie nowego, wielkomózgiego człowieka, nazywanego przez jednych archaicznym *Homo sapiens*, a przez innych *Homo helmei*. Aby uniknąć zamieszania, będę używać drugiej nazwy. O rozmiarach zbliżonych do naszych, ponury i nieprzyjazny z wyglądu, ze średnią objętością mózgu ponad 1400 cm^3, nieco większą od naszej, reprezentował osiągnięcie plateau jego gwałtownego wzrostu. Jak zobaczymy w rozdziale 2, od *Homo helmei* rozpoczęła się jedna z najważniejszych rewolucji w ludzkiej technologii, znana jako środkowy paleolit. Niektórzy posuwają się aż do sugestii, że to ponure stworzenie wychowane we współczesnej rodzinie mogłoby się dostosować do społeczeństwa[19].

Podczas zakrojonego na większą skalę i trwającego dłużej wyjścia z Afryki w okresie ocieplenia przed 250 000 lat *Homo helmei* rozprzestrzenili się w całej Eurazji. W Europie i w Azji mogli dać początek *Homo neanderthalensis* i mieli w tym samym czasie kilku prawdopodobnych kuzynów w Indiach i w Chinach. Źródłowa ludzka

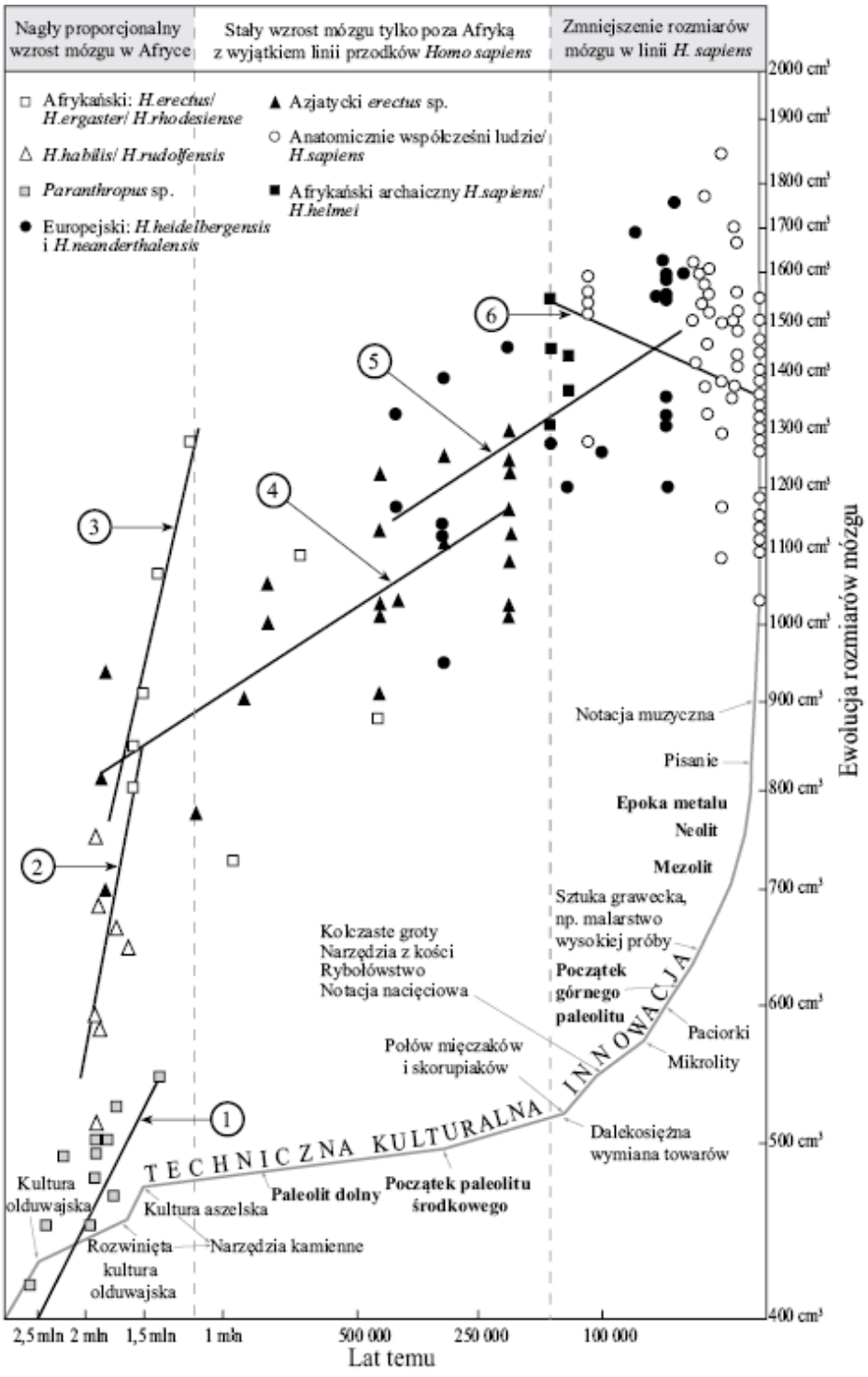
rodzina, do której zaliczamy naszych przodków, pozostawała w tym czasie w Afryce, fizycznie odseparowana od neandertalskich kuzynów w Europie[20].

Nasz własny gatunek *Homo sapiens* narodził się ponad 170 000 lat temu w okresie niemal całkowitego wyginięcia ludzkości, gdy jej całkowita populacja spadła, jak oceniają badacze, do 10 000 osobników w okresie najsilniejszego zlodowacenia[21]. Choć *Homo sapiens* na pewno wyszli z Afryki do Lewantu w czasie następnej epoki międzylodowcowej, 120 000 lat temu, dowody genetyczne pokazują, że ich potomkowie tam wymarli (staromodna nazwa Lewant – przydatna w tym kontekście – obejmuje obecną Syrię, Izrael, Palestynę i Jordanię; śródziemnomorski Środkowy Wschód bez Egiptu). Gdy ludzie rozumni ostatecznie rozprzestrzenili się z Afryki na resztę świata około 70 000–80 000 lat temu, Eurazja była wciąż zamieszkana przez kilka ludzkich gatunków. Europejscy neandertalczycy i prawdopodobnie południowoazjatyccy *Homo erectus* trwali do 30 000 lat temu, ale u żyjących ludzi nie znajdujemy po nich żadnych śladów genetycznych.

Jest znaczące, że zarówno neandertalczycy, jak i nowożytni ludzie żyjący przed ostatnią epoką lodowcową 20 000–30 000 lat temu mieli mózgi raczej większe od ludzi żyjących obecnie[22]. Wydaje się, że magiczny efekt powiększania mózgu przez epoki lodowcowe samorzutnie zamarł przed naszym narodzeniem się w postaci podgatunku *Homo helmei* (rysunek 0.2). Być może ograniczeniem było powodowane przez duże głowy ryzyko porodowe, a może rozmiar mózgu przestał być ważnym czynnikiem przetrwania i jakiś nowy użytek naszych mózgów – jakieś zachowanie lub innowacja kulturalna – przeważyły.

Zaraz po opuszczeniu Afryki, choć nasze mózgi przestały rosnąć, klimat w dalszym ciągu wpływał dominująco na naszą ekspansję i inwencję aż do naszych czasów. Nie będzie przesadą stwierdzenie, że siły powodujące fale ludzkich innowacji technicznych w Eurazji dawniej niż 80 000 lat temu były bardziej wynikiem stresu i reakcji nań niż biologicznego rozwoju ludzkiego komputera. Na przykład rozprzestrzenienia nowych technologii nazwane przez archeologów

wczesnym, średnim i późnym górnym paleolitem, mezolitem i neolitem zbiegły się z radykalnymi zmianami na lepsze europejskiego klimatu i ekspansjami ludności na nowe terytoria. Te zdarzenia znalazły odbicie w Azji Południowo-Wschodniej i w postępach w budowie łodzi i żeglarstwa w odpowiedzi na zalewy szelfu kontynentalnego przy podnoszeniu się i opadaniu poziomu morza.



Rysunek 0.2. Rozmiar mózgu i ewolucja kulturowa. Na wykresie widzimy trzy fazy wzrostu rozmiarów mózgu w ciągu ostatnich 2,5 miliona lat, oddzielone pionowymi liniami przerywanymi. Krzywa poniżej pokazuje gwałtowność przyspieszenia kulturowego w okresie

zmniejszania rozmiarów mózgu (rozwój kulturowy wyznaczają decydujące osiągnięcia, równie istotne w całym procesie. Linie regresji 1–6 są skorelowane z regionalnymi typami ludzkimi oznaczonymi symbolami).

Podsumowując, zaznaczymy, że gwałtowny wzrost rozmiarów mózgu był kluczową cechą, która odróżniła ludzi od małp dwunożnych dawniej niż dwa i pół miliona lat temu. Od tego czasu objętość naszych mózgów wzrosła trzykrotnie. Wzrost nie był stopniowy i stały: głównie było to podwojenie objętości mózgu *Homo erectus* dwa miliony lat temu. Innymi słowy, największe przyspieszenie wzrostu rozmiarów mózgu nastąpiło wcześniej niż półtora miliona lat temu, raczej w początkach naszego rodzaju, po czym zauważamy spowolnienie wzrostu. Paradoksem jest, że nasz gwałtowny rozwój behawioralny nadszedł w większości ostatnio i wciąż przyspiesza.

IDEA BALDWINA

Rozwiązaniem paradoksu starożytnego wzrostu rozmiarów mózgu i ostatniej eksplozji ludzkiej kultury jest fakt, że ludzka kultura karmi samą siebie, generując własne wykładniczo przyspieszające tempo. Jak się przekonamy, historia ludzkiej ewolucji kulturowej nie jest wierną kopią drzewa biologicznego, ze wszystkimi występującymi sukcesywnie gatunkami ludzkimi, ich skokami inteligencji i natychmiastowym używaniem lepiej obmyślanych narzędzi. Nasze innowacje kulturowe przebiegały z dala od drzewa ewolucji biologicznej, znajdując zawsze jakąś inną ścieżkę, i choć nasze mózgi przestały rosnąć dawno temu, nasza kultura wciąż się rozwija. Koewolucja kultury i genów leży u podstaw najnowszego rewolucyjnego rozwoju człowieka. Ta koncepcja, choć zwodniczo prosta, zderza się z naszymi etnicznymi i gatunkowymi uprzedzeniami.

Mechanizmy, za pomocą których innowacje behawioralne lub „nowa kultura” wpływają na ewolucję, zostały po raz pierwszy przed ponad stuleciem opracowane przez amerykańskiego psychologa Marka Baldwina[23]. Podał on behawioralną interpretację darwinowskiego widzenia zjawisk ewolucyjnych, upraszczając sprawę tak dalece, że wzrost szyi żyrafy wyjaśnił sięganiem po liście na szczycie drzew i krzewów. Sugerował, że behawioralna zdolność przystosowawcza i zdolność uczenia się mogły nasilić i zmienić kurs doboru naturalnego. Gdy tylko nowe, wymyślone lub wyuczone zwyczaje zmieniały powiązania lub środowisko grupy zwierząt, dobór naturalny mógł faworyzować określone genetycznie behawioralne i fizyczne cechy najlepiej wykorzystujące nowe środowisko. To proste rozumowanie znane jako „koewolucja” lub „genetyczna asymilacja” unikało pułapki zdyskredytowanej lamarckowskiej teorii dziedziczenia cech nabytych, pozostawiając jedną z zapomnianych, ale bardziej proroczych jego idei.

Koewolucja nie odnosi się jedynie do historii naszych własnych gatunków. Daleko wstecz na drzewie życia nowe, wymyślone lub może przypadkowo przyjęte sprawności behawioralne kierowały genetycznymi zmianami, które określały dalszy rozwój specjalnych cech fizycznych służących wykorzystaniu tych zwyczajów. Wszystkie zięby Darwina pochodziły z pojedynczego gatunku pospolitego w Ameryce Środkowej, który musiał próbować różnych rozwiązań, aby przeżyć w stawiającym wymagania nowym środowisku wysp Galapagos. Później wiele nowych gatunków zięb ewoluowało fizycznie, aby lepiej wykorzystywać owe nabyte sprawności.

Odpowiednio daleko wstecz na drzewie kręgowców, na początku każdej generacji, młodzież wielu gatunków imitowała „wrodzone” umiejętności rodziców i przyuczała się do nich. Znamy wiele przypadków wśród wyższych kręgowców, gdy rodzice aktywnie uczestniczą w nauce potomstwa. A więc na początku te nowo „wymyślone” zachowania są przekazywane nie przez geny, lecz przez rodziców i innych uczących i przez uczenie się młodych. Następnie geny sprzyjające nowym zachowaniom mogą być wybierane przez ewolucję biologiczną tak, by wyposażyć nowe gatunki do lepszego

wykorzystania nowych zachowań. Innymi słowy, geny i kultura koewoluują.

Rozwój kultury nie musi być koniecznie tak ściśle powiązany z dziedziczeniem genetycznym. Przez większą część procesu ewolucji ssaków takie nauczanie kultury było ściśle ograniczone do członków bezpośredniej rodziny lub grupy, w wyniku czego zachowania były przywiązane do genów. Jednakże wśród ssaków społecznych umiejętności potrzebne do przeżycia są przekazywane grupie społecznej nie zawsze spokrewnionej. Zatem kiedyś w ciągu ostatnich kilku milionów lat biologicznej ewolucji ssaków naczelnych ewolucja kulturalna uzyskała pewien stopień niezależności od zakodowania w genach zwierząt – ich nosicieli. Analogicznie: ewolucja skrzypków mogłaby się równie dobrze dokonać za sprawą cech u wytwórców skrzypiec, jak i rodziny skrzypków, w której umiejętności są przekazywane z ojca na syna.

Co jest tego dowodem? Niektóre raczej czysto wyuczone niż wrodzone cechy kulturalne są geograficznie rozmieszczone w sposób, który może być niezależny od pokrewieństw genetycznych. Wiemy o japońskich makakach, które obmywają słodkie ziemniaki w morzu. To kulturowa cecha lokalna o zapisanym historycznym i geograficznym pochodzeniu, następnie przekazywana z pokolenia na pokolenie. Jest skrajnie nieprawdopodobne, aby to nowe zachowanie zależało od nowej cechy genetycznej, ale gdyby mycie słodkich ziemniaków szczególnie sprzyjało przeżyciu i gdyby stały się one głównym elementem diety tej lokalnej rasy makaków przez wiele pokoleń, naturalna selekcja przypadkowych zmian genetycznych mogłaby u przyszłych pokoleń wzmocnić w jakiś sposób praktykę mycia słodkich ziemniaków. Byłaby to koewolucja[24].

Geograficzna lokalizacja wymyślonej cechy kulturowej wyższych nieczłowieczych ssaków naczelnych jest jasno zauważalna wśród szympansów. W szympansich plemionach specyficzne techniki wytwarzania narzędzi są w posiadaniu członków określonej grupy i innych blisko spokrewnionych grup. Są to techniki osiągnięte kulturowo i niezdeterminowane genetycznie, więc niekoniecznie znajdowane na większych odległościach. W jakimś momencie, być

może nawet przed pojawieniem się hominidów, kultura dokonała skoku przez barierę gatunku, stając się udziałem innych małp człekokształtnych. Na długo wcześniej rewolucja kulturowa musiała wkroczyć w wiek dojrzewania i posiąść własną prehistorię równoległą do ewolucji genetycznej.

Z baldwinowskiej perspektywy możemy zrobić jedno przewidywanie i jedną obserwację. Przewidywanie jest takie, że skoro skomplikowane, zamierzone porozumiewanie się wymaga rozwiniętego mózgu, to proste zamierzone porozumiewanie się pewnego typu musi poprzedzać ewolucję dużego mózgu. Obserwacja jest zaś taka, że niezwykła inwencja i wyrafinowany rozkwit pisania zdarzyły się około 5000 lat temu, a wymyślenie notacji muzycznej całkiem niedawno. Te dwa kodowane, niemówione systemy komunikowania się spowodowały bezsporne osiągnięcie najwyższych szczytów ludzkich możliwości, lecz nie wywołały powstania nowych ludzkich gatunków ze specjalnymi genami i nowym umysłem przeznaczonym dla każdego z nich.

JAK URÓSŁ NASZ MÓZG I DLACZEGO JEGO ROZMIAR MA ZNACZENIE?

Znaczna wielkość mózgu to łatwo dostrzegalna cecha, która odróżnia ludzi rozumnych od innych zwierząt. Należy jednak zaznaczyć kilka rzeczy. Rozmiar jest bardzo ważny, ale to nie wszystko. Większy nie zawsze znaczy bystrzejszy. Na przykład świnie mają mózgi znacznie większe od małych, biegłych myśliwych, jakimi są dzikie koty. Ludzie, którym ze względów medycznych usunięto w dzieciństwie połowę mózgu, mogą z pozostałymi 700 cm^3 cieszyć się niemal normalnym ludzkim intelektem i umiejętnościami. Oczywiście połączenia czemuś służą, a my na pewno mamy więcej połączeń wewnątrzmózgowych niż inne ssaki, ale jak do tego doszło?

Ogólnie mówiąc, większe ciało wymaga większego mózgu. W uproszczeniu jest tak dlatego, że większe organy i mięśnie większego ciała potrzebują więcej mózgu do sterowania nimi

lub przynajmniej minimalnego udziału uwagi, jaką mózg poświęca większemu ciału. Ta relacja między rozmiarami ciała i mózgu, choć przewidywalna u większości ssaków, nie jest prostym stosunkiem – gdyby była, to na przykład mysz miałaby mniejszy mózg, niż ma rzeczywiście. Staje się ona nawet mniej oczywista u ssaków wyższych, gdyż stosunek rozmiarów ciało/mózg został zniekształcony na kilka sposobów. Na przykład ssaki naczelne mają proporcjonalnie większe od innych ssaków dorosłe mózgi, ponieważ ich ciała od początku życia wzrastają wolniej przy tej samej absolutnej szybkości wzrostu mózgu.

Również zegar wzrostu ludzkiego mózgu jest wolniejszy niż u innych małp człekokształtnych. U wszystkich ssaków wzrost mózgu kończy się przed końcem wzrostu ciała w sposób dopasowany do funkcjonalnych potrzeb dorosłego ciała. Jednakże ludzie różnią się od innych naczelnych tym, że ich wewnętrzny zegar podtrzymuje dalszy wzrost mózgu dłużej, niż można by oczekiwać po ich ostatecznych rozmiarach jako naczelnych. Rezultatem wydłużenia etapu rozwoju płodowego i dziecięcego jest wielkość mózgu stosowniejsza dla ważącej tonę wymarłej małpy człekokształtnej *Gigantopithecus*[25].

Inną prostą, sterowaną przez geny różnicą jest to, że części mózgu usytuowane we wczesnym okresie rozwoju z tyłu ludzkiego embrionu rosną stosunkowo więcej niż u innych naczelnych[26]. Oznacza to, że u ludzi dorosłych móżdżek i kora mózgu są nieproporcjonalnie wielkie. Te dwie części mózgu stanowią podstawę koordynacji i wyższego myślenia. Zmiany genetyczne, które doprowadziły do tych efektów, były prawdopodobnie proste i obejmowały raczej kilka rozwojowych genów. Wynikające stąd względne zmiany rozmiarów różnych części mózgu miały doniosłe znaczenie.

Wszystkie te procesy wpływające na zróżnicowanie rozmiarów są zaprogramowane genetycznie tak, by rozpoczęły się na bardzo wczesnym etapie rozwoju embrionu, zanim większość komórek mózgu rozwinie swoje połączenia. Napęcznienie kory mózgu wspomaga go daleko bardziej neutralną tkanką, niż jest to konieczne

dla wykonywania podstawowych zadań podtrzymywania działania reszty organizmu. Innymi słowy, u ludzi (i w mniejszym stopniu u współczesnych małp człekokształtnych) istnieje znaczna objętość nadmiarowej kory bez przydzielonej funkcji.

Gdyby nadmierny rozrost kory nastąpił w embrionie, nim różne części mózgu rozpoczęłyby tworzenie połączeń między sobą, jaki miałoby to wpływ na jakość ostatecznych połączeń? Otóż, gdy w późniejszej fazie rozwoju embrionu komórki nerwowe w odległych częściach mózgu rozpoczynają tworzenie wzajemnych połączeń, rozmiar ma duże znaczenie w określaniu siły i liczby połączeń, jakie kora mózgowa tworzy wewnątrz siebie oraz zewnętrznie z resztą mózgu i z rdzeniem kręgowym. Wynikowy przerost korowych połączeń można opisać jako potężne „ministerstwo bez teki", które ma wszędzie dobre kontakty i własne wtyczki w organach egzekucyjnych. Zwiększone wewnętrzne połączenia korowe mogą w szczególności czynić nas „przygotowanymi sprzętowo" na uszkodzenia, a także zachęcać do kreatywności i skojarzeniowego myślenia symbolicznego. Zwiększona moc zewnętrznych połączeń kory mózgowej daje nam także bezpośrednią kontrolę jąder motorycznych pnia mózgu, które zawiadują powstawaniem mowy. Te jądra podlegały przedtem podkorowemu autosterowaniu. Wszystko to jest rezultatem zgrubnego przemieszczenia kilku kontrolujących genów[27].

Większość tych „powiększeń" zdarzyła się na długo przed naszym pojawieniem się na scenie. Proste porównanie rozmiarów mózgu i ciała wcześniejszych hominidów pokazuje, że te zmiany wystąpiły z przesadą w ewolucji *Homo erectus*. Tak więc wiedząc, że zaledwie kilka zmian genetycznych przyniosło tak wielki przyrost funkcjonalnego potencjału ludzkiego mózgu, wracamy do pytania, jakie nowe zachowania sterowały tym gwałtownym wzrostem dwa i pół miliona lat temu.

ŻYWNOŚĆ KSZTAŁTUJĄCA MYŚL CZY TYLKO ROZMOWY O JEDZENIU?

Psycholog ewolucyjny Robin Dunbar z uniwersytetu w Liverpoolu dowodzi, że zwierzęta ze stosunkowo dużymi mózgami potrafią blisko oddziaływać z większą siecią społeczną, której elementy zapamiętują. Teoretycznie – dowodzi – te z największymi „zdolnościami społecznymi" to człowiekowate. Z porównania z innymi zwierzętami wynika, że grupa ta może liczyć ponad trzystu osobników. Z własnego doświadczenia mogę powiedzieć, że choć w czasach szkolnych mogłem rozpoznać około tysiąca osób, nie odpowiada to liczbie ludzi, z jakimi jestem trwale związany dzisiaj. A w kontekście tematu należy zaznaczyć, że pomocny w ocenie może być również limit gęstości zaludnienia suchych sawann. Badania !Kung, myśliwych i zbieraczy z południa Afryki, pokazują średnią wielkość rozbudowanej rodziny liczoną najwyżej w dziesiątkach, a obozy dużych rodzin w porze suchej sięgają czterdziestu osób. To jasne, że w większych grupach interakcja społeczna może być bardziej sztuczna niż w mniejszych. Ekspert od paleolitu na Uniwersytecie Southampton Clive Gamble dowodzi, że nasi przodkowie (i później nasze społeczeństwa) uczestniczą w sieciach różnych rozmiarów, związanych z różnymi funkcjami. Bezpośrednia, *najbliższa* grupa lub sieć zwykle składa się z jądra rodziny, mogącego liczyć zaledwie około pięciu osób; w większej efektywnej sieci może być około dwudziestu, a w szerokiej, w której kontakty twarzą w twarz są rzadsze, od stu do czterystu osób. Szanse na dzielenie się i wymianę dóbr materialnych obejmują jedynie dwie pierwsze sieci, w trzeciej zaś wymiana miałaby więcej elementów kalkulacji własnego interesu. Nie pasuje to do przypadku silnej socjalizacji sterującej wzrostem mózgu[28].

O ile zdolność do rozpoznawania dużej liczby kolegów może być związana z dużym mózgiem, o tyle trudno w efekcie sieciowym dopatrzyć się źródła energii zasilającej kolejne skoki rozmiarów ludzkiego mózgu w ciągu ostatnich dwóch i pół miliona lat – zwłaszcza w czasach, gdy interakcja w sieci ograniczała się niemal do wyiskiwania wszy i pcheł oraz miłego wzajemnego traktowania. Czas, jaki pozostawał na poważne sprawy szukania żywności, był ograniczony przez zbyt wiele takich kontaktów.

Robin Dunbar i Leslie Aiello sugerują, że język mógł być pierwotnie w tym kontekście energetycznie tanim narzędziem nawiązywania więzi społecznych[29], choć służył również wymianie informacji. Większość z nas spędza znaczną część czasu na rozmowach towarzyskich. Przyznaję, że trudno mi pojąć, jak nasz język mówiony – nasza unikatowa zdolność – ewoluował silniej z wzajemnego iskania się i plotek niż jako środek rozwijający produktywną współpracę i przekazujący potomstwu praktyczne informacje. Nim nasi w pełni rozumni przodkowie opuścili Afrykę, ludzka rodzina przeszła drogę od skromnych padlinożerców-zbieraczy do najważniejszych drapieżców afrykańskich równin. Na pewno nie stało się to dzięki plotkom i awansom w kółkach towarzyskich. Szympansy, które zostały nauczone komunikowania się za pomocą języka migowego, na pewno koncentrują uwagę znacznie bardziej na sprawach jedzenia niż towarzyskich pogaduszkach.

W rzeczy samej, odwróciłbym to do góry nogami. Argumentowałem, że język jest unikatowym zachowaniem wspólnym dla dwóch braterskich gatunków *Homo* i *Paranthropus*, którym dwa i pół miliona lat temu umożliwił współpracę i elastyczne dostosowanie się ułatwiające przetrwanie jałowych cyklów lodowej epoki plejstocenu, co doprowadziło do powiększenia rozmiarów ich mózgów. Zgodnie z zasadą baldwinowskiej teorii koewolucji „nowego zachowania przed przystosowawczą zmianą fizyczną", aby ten proces rozpocząć, owi osobnicy musieli dysponować jakąś formą języka. Trudno byłoby dowieść, że symboliczne słownictwo i składnia skomplikowanego języka oraz produktywna współpraca, do której były kluczem, nie korzystały ze stopniowego wzrostu możliwości przetwarzania danych. Mówiąc prościej, jest o wiele bardziej prawdopodobne, że już dwa i pół miliona lat temu komunikowaliśmy się użytecznie i celowo, co pobudzało wzrost naszego mózgu, niż że nasz mózg rósł do przekroczenia wielkości progowej, jak trąba kiplingowskiego Słoniątka, po czym nagle odkryliśmy, że potrafimy mówić.

MYŚLENIE SYMBOLICZNE I JĘZYK: CZYSTO LUDZKIE ZDOLNOŚCI?

Celowe komunikowanie się niewątpliwie rozpoczęło się dawno temu wśród zwierząt. Język mówiony jest zaledwie najbardziej przemyślną formą zwierzęcej komunikacji i wymagał u ludzi wielu wyspecjalizowanych zmian. Oprócz przekazywania skomplikowanych idei, język mówiony niesie specjalne korzyści w porównaniu z prostym językiem gestów. Możemy komunikować się w ciemności, przez drzewa i zarośla, bez patrzenia na osobę, do której mówimy. O wiele łatwiej naciągać, oszukiwać i kłamać oraz ukrywać wiadomości przed obcymi, mówiącymi innymi językami. Dzieci uczą się kłamać w wieku około czterech lat. Ktoś sugerował, że męska sprawność w opowiadaniu dowcipów i skłanianiu kobiet do śmiechu może być elementem doboru płciowego. Jednakże jak wszystkie inne aspekty kultury, język został wymyślony i musi być ponownie wymyślany przez każde dziecko uczące się mówić.

My ludzie rozumni ze słusznych względów odróżniamy się mową od innych żyjących kuzynów naczelnych. Niestety, w jakościowych porównaniach nie poprzestajemy na tym. W ten sam sposób wyolbrzymiamy nasze różnice religijne i etniczne wewnątrz własnego rodzaju i staramy się spostrzegać to, co nas odróżnia od innych człekokształtnych, jako odmienności ustanowione wśród nas samych. Ostatnią ekstremalną manifestacją wykluczania grup ludzi rozumnych było ustanowienie terminu „podludzi" (*Untermenschen*) używanego przez nazistów do określania ludzi prześladowanych i mordowanych.

Uznaliśmy się również za posiadających unikatowe umiejętności intelektualne i manipulacyjne, oddzielające nas od reszty królestwa zwierząt. Próby spojrzenia w prześwity tego płotu są wyklęte jako „antropomorfizm". Pomimo to od początku XX wieku nasi najbliżsi żyjący kuzyni, szympansy, zaskoczyły uważnych obserwatorów czarującym wyciąganiem kolejnych prętów wikliny z tego płotu. Tak umarły stare mity o unikatowych ludzkich umiejętnościach. Przede wszystkim ludzie utrzymywali, że przedstawiciele rodzaju ludzkiego są jedynymi zwierzętami zdolnymi do posługiwania się narzędziami.

Gdy ta idea straciła wiarygodność, przesądy zostały udoskonalone i uznano, że tylko ludzie potrafią modyfikować narzędzia. Kiedy udowodniono, że i to nieprawda, mieliśmy się zadowolić stwierdzeniem, iż tylko ludzie potrafią wymyślać i tworzyć narzędzia. Szympansy ponownie udowodniły, że to nieprawda.

Wiele tych prostych informacji pochodzi od Wolfganga Köhlera, który na początku lat dwudziestych XX wieku badał kolonię szympansów na Teneryfie. Köhler, psycholog szkoły Gestalt, posunął się znacznie dalej od prostego pokazania, że szympansy potrafią rozwiązywać problemy. Elegancko zademonstrował, że są zdolne zarówno do abstrakcyjnego, jak i racjonalnego myślenia[30]. Niestety, kilku przedstawicieli rodzaju ludzkiego zdołało w tamtych czasach racjonalnie spojrzeć na wyniki jego eksperymentów. Dopiero znacznie później Jane Goodall z innymi dzięki cierpliwej obserwacji i wspaniałej dokumentacji filmowej zdołała przekonać naukowców i opinię publiczną o implikacjach wyników Köhlera.

Wielkim zaskoczeniem w drugiej połowie XX wieku było odkrycie, że nieznające mowy gatunki małp naczelnych, odległe od nas w rozwoju o przynajmniej pięć milionów lat, mają rodzącą się zdolność językową. Szympansy nauczono komunikować się z ludźmi. Większe wrażenie robi fakt, że potrafią przyjąć tę nową umiejętność za własną i posługiwać się między sobą za pomocą symbolicznych zakodowanych znaków. Największą gwiazdą tej historii jest Kanzi, małpa bonobo (bonobo są bliskimi krewnymi szympansów z kilkoma śladami zachowań przypominającymi nasze). Kanzi nauczył się komunikować za pomocą zakodowanego języka symbolicznego na komputerze. Spontanicznie nauczył się mówionego angielskiego, prawidłowo interpretując składnię. Skala jego osiągnięć może wynikać z przynależności do bonobo (okazuje się, że bonobo są genetycznie bliższe ludzi niż inne szympansy), ale wydaje się bardziej prawdopodobne, że wpływ na jego spontaniczne zdobywanie umiejętności miał fakt przesiadywania w wieku dziecięcym obok przybranej matki w okresie, gdy zdolność uczenia się jest najlepsza. Matka jako dorosła była obiektem nauczania języka i z uporem starała się przebrnąć przez nowe symbole. Jak

zostało pokazane, szympansy zademonstrowały myślenie abstrakcyjne, symboliczne i racjonalne, jak również to, co nazywamy „symbolicznym wnioskowaniem” i „symboliczną manipulacją”, choć ich umiejętności były znacznie gorsze od naszych. Najprawdopodobniej to tylko kwestia poziomu umiejętności. Dopóki mamy do czynienia z językiem, szympansy są w sposób oczywisty ograniczone brakiem kontroli głosowej i albo nie mają predyspozycji, albo nie potrafią docenić wartości wyjścia poza komunikację niewerbalną[31].

Zdumiewające, że pełne implikacje tych eksperymentów są nadal szeroko ignorowane przez lingwistów. Aby zrozumieć ich upór, musimy docenić dychotomię bieżących teorii powstania języka i myśli. Od XIX wieku obserwujemy biegnące równolegle dwie linie argumentów. Pierwsza, w której język jest widziany przede wszystkim jako inwencja, została zapoczątkowana w XVIII wieku przez oświeceniowego filozofa Etienne’a Bonnota de Condillaca, który dowodził, że język mówiony rozwinął się z języka gestów (*langage d’action*) i oba wyrastają z prostych skojarzeń. Pogląd Condillaca antycypował koncepcję ewolucji kulturalnej i po pewnym rozwinięciu jego ślady można znaleźć w darwinizmie i u myśliciela z połowy XX wieku Ronalda Englefielda i dalej aż po dzień dzisiejszy w pracy nowozelandzkiego psychologa Michaela Corballisa i innych. Pełna teoria uznaje, że język gestów powstał oryginalnie wśród małp człekokształtnych, by potem stać się konwencjonalną lub zakodowaną nową umiejętnością podlegającą własnej ewolucji. Sygnały werbalne, niektóre już obecne we „wrodzonym” repertuarze, były kolejno kooptowane i rozwijane w przemyślny kod informacyjny. Naciski ewolucyjne promowały rozwój aparatu głosowego, a także części mózgu bezpośrednio zbliżonej do odpowiedzialnej za gesty. To centrum mowy jest często nazywane ośrodkiem Broki[32].

NAZNACZENI DAREM MOWY?

Inne, obecnie dominujące spojrzenie na powstanie języka jest niemal kreacjonistyczne, odmawia bowiem uznania procesu ewolucji. Język w tym przypadku, zwłaszcza słowo mówione, miał się pojawić wśród ludzi rozumnych nagle od 35 000 do 50 000 lat temu jako swego rodzaju „wielki wybuch". Według Noama Chomskiego, a następnie także Stephena Pinkera, zdolności do wypowiadania słów oraz stosowania składni zostały ostatnio genetycznie wbudowane w nasze mózgi w postaci swoistego organu mowy. Ten sposób widzenia języka jest powiązany ze starą ideą, że myśl logiczna lub racjonalna jest w jakiś sposób zależna od słów. Ta pochodząca od Platona koncepcja cieszyła się powodzeniem w XIX wieku wśród pisarzy takich jak Jakob Grimm – „Zwierzęta nie mówią, ponieważ nie myślą" – i Max Müller – „Język jest naszym Rubikonem, którego żadne zwierzę nie ośmieli się przekroczyć", a „bez mowy nie ma rozumowania i bez rozumowania nie ma mowy"[33].

Kreacjonistyczny pogląd na wielki skok jakości ludzkiego myślenia ma dalsze odbicie w powszechnej interpretacji europejskiej sztuki górnego paleolitu. Europejskie malowidła jaskiniowe i rzeźbione figurynki datowane na ponad 30 000 lat temu są również widziane w tej perspektywie, jako zaczątki symbolicznego myślenia i języka. Jednakże dojrzała finezja najwcześniejszych malowideł z jaskini Chauveta na południu Francji zdaje się temu przeczyć [34]. Tak czy inaczej, taka eurocentryczna interpretacja ignoruje fakt, że Australijczycy wykonywali malowidła na kamieniach po drugiej stronie świata równie wcześnie, w tym samym czasie. Absurdem jest twierdzenie, że wraz z resztą świata musieli nauczyć się mowy i malowania od Europejczyków. Wiele powodów i dowodów omówionych w tej książce wskazuje, że ich wspólni afrykańscy przodkowie opanowali umiejętności mówienia, tworzenia sztuki i symbolicznego przedstawiania myśli na długo przed opuszczeniem Afryki 80 000 lat temu.

Innym problemem z kreacjonistami i „wielkim wybuchem" unikatowych zdolności ludzi rozumnych jest fakt, że neandertalczycy mieli ten sam co my wyspecjalizowany anatomicznie instrument mowy. Posiadanie podobnej kości gnykowej, powiększonego

piersiowego rdzenia kręgowego oraz większego otworu dla nerwu podjęzykowego są spójne z neandertalską umiejętnością mówienia. Zgodnie z hipotezą Baldwina, te atrybuty wskazują również, że wspólny przodek nasz i neandertalczyków *Homo heidelbergensis* mówił już ponad pół miliona lat temu. Ponieważ *Homo heidelbergensis* mial także powiększony otwór nerwu podjęzykowego i kilka innych anatomicznych cech mowy, argument należy zapewne rozciągnąć wstecz do *Homo erectus,* którego mózg, jak wskazują dowody, był nierównomiernie obciążony. To ostatnie uważa się za ważną cechę kojarzoną z fenomenem mowy. Niektórzy uważają, że obszar Broki wewnątrz czaszki *Homo habilis* sprawia wrażenie, jakby proces wyspecjalizowanego powiększenia przystosowującego do mowy rozpoczął się już przed dwoma milionami lat[35].

Te anatomiczne spekulacje przenoszą nas wstecz do pierwszych przedstawicieli rodzaju ludzkiego i radykalnego wzrostu wielkości mózgu *Homo* i *Paranthropus*. Jeżeli kiedykolwiek nastąpił jakiś wielki wybuch intelektualnej specyfikacji hominidów, to właśnie wtedy. Tim Crow, profesor psychiatrii w Oksfordzie, dowodzi, że w jakiś czas po rozdzieleniu się nas i szympansów nastąpiły dwa ważne zdarzenia specyfikujące, które możemy wyśledzić jako blisko związane z mutacjami chromosomu Y. Istnieją przyczyny, by sądzić, że jedna z tych mutacji, a być może obie, może być powiązana z asymetrią rdzenia i być może z językiem. Jeżeli tak, to możemy spekulować, że pierwsza pojawiła się u wspólnego przodka *Homo* i *Paranthropus*, a druga u *Homo erectus*, gdyż ten drugi ujawnia pierwsze dowody rdzeniowej asymetrii[36].

Nowoczesne badania neurofizjologiczne z użyciem wielu technik, łącznie z aktywnym obrazowaniem, podważyły biologiczno-deterministyczne spojrzenie na osiągnięcie i ewolucję myśli i języka. Wiemy, że składnia różnego typu języków jest obsługiwana przez różne części mózgu. Składnia nie jest obsługiwana „sprzętowo”: jest *dedukowana* przez małe dzieci, które w porównaniu z dorosłymi uczącymi się nowego języka mają większą i bardziej plastyczną zdolność dekodowania symbolicznych skojarzeń i odgadywania właściwego składniowego wnioskowania. Ludzie nie są jedynymi,

u których występuje krytyczny okres rozwoju, gdy osiągana jest umiejętność mowy. To samo zjawisko widzimy u „śpiewających" nienaczelnych, takich jak ptaki i wieloryby. Skomplikowane i często unikatowe pieśni śpiewane w późniejszym życiu przez te zwierzęta są wyuczone, modyfikowane i odciśnięte w pamięci na wczesnym etapie. Ponadto badania wskazują, że mowa nie jest koniecznie ograniczona do szczególnej części lub szczególnych części mózgu[37].

Te badania neurofizjologiczne sugerują alternatywę dla podanej przez Chomskiego teorii ewolucji języka inkorporującej idee Condillaca, Englefielda i Corballisa. Zgodnie z tym poglądem język mówiony został ostatecznie wynaleziony przez ssaki naczelne tak samo jak wytwarzanie narzędzi, co pokierowało biologiczną ewolucją mózgu i aparatu mowy. Jako wytwór kulturowy ewoluował on oddzielnie poza ciałem w specyficznych społecznościach kulturowych. Unikatowa kombinacja słownikowo-składniowa cechująca takie języki jak francuski jest kulturalną własnością społeczności francuskiej, a oczywiście nie rezultatem jakiegoś biologicznego aspektu bycia Francuzem. Każdy język i jego składnia ewoluują z pokolenia na pokolenie, wciąż dostosowując się do radzenia sobie z tendencjami każdego nowego zbioru młodych niedojrzałych umysłów.

W sumie ze wszystkich mentalnych i praktycznych zdolności, które filozofowie uznali za jakościowo odróżniające ludzi rozumnych od szympansów, ostała się tylko ludzka mowa. Oczywiście istnieje wielka ilościowa różnica zdolności intelektualnych, ale ludzki intelekt nie rozkwitł nagle 35 000 lat temu w europejskim górnym paleolicie, lecz ewoluował przez poprzednie cztery miliony lat. Przez ostatnie dwa miliony lat rodzaj ludzki za pomocą mózgu ulepszał model człekokształtnej małpy chodzącej na dwóch nogach, czemu pomagała sterowana mową koewolucja rozmiarów mózgu. Tak jak giętka nowa trąba Słoniątka w opowiastce Kiplinga, powiększone zdolności naszego mózgu do manipulowania symbolicznymi koncepcjami i zestawami zostały skierowane do wykonywania różnorodnych skomplikowanych zadań różnych od mowy. Fakt, że możemy spekulować na temat geometrii Wszechświata i jego

pochodzenia, a nawet rozpoczynać jego eksplorację, sugeruje, iż gotowość do podejmowania nowych zadań i giętkość naszego intelektu mają niewiele ograniczeń.

Zauważamy, że ponad dwa miliony lat temu cykle wysychania Afryki, towarzyszące okresom zlodowaceń, pobudzały wzrost ludzkich mózgów. To samo działo się z naszym braterskim rodzajem *Paranthropus*, ale nie na wielkich sawannach zamieszkanych przez małpy, co sugeruje, że oba rodzaje hominidów musiało łączyć jakieś wspólne zachowanie zależne od rozmiaru mózgu. Istnieje tendencja do traktowania niespodziewanego wzrostu rozmiarów mózgu jako niedawnego zdarzenia w historii rodzaju ludzkiego, ale jeżeli przyjrzymy się dowodom, przekonamy się, że naprawdę jest na odwrót. Najszybszy proporcjonalny wzrost rozmiarów mózgu nastąpił od miliona do dwóch milionów lat temu. Przed nastaniem ludzi rozumnych wzrost rozmiarów mózgu bardzo zwolnił. Paradoksalnie, nasza oczywista behawioralna eksplozja w większości nastąpiła ostatnio i wciąż przyspiesza w postępie geometrycznym.

Zamiast zaakceptować, co oczywiste, fakt, że ludzka kultura karmi się sama, a więc generuje własne przyspieszenie – wielu antropologów, archeologów i lingwistów wierzy, iż w ciągu ostatnich 100 000 lat jakieś „genetyczne" zdarzenie wtrąciło się w sposób działania naszego mózgu, produkując jego nowy, inaczej „okablowany" rodzaj. Niektórzy idą nawet dalej, sugerując, że język jest najbardziej oczywistym kandydatem dla tego nowego i unikatowego zachowania[38]. Mówiąc szczerze, uważam to za perwersyjną logikę niedarwinowską. Umyślnie kodowana informacja lub „język" jest na pewno przydatnym, nowym i unikatowym zachowaniem. O ile prościej uznać go za coś, co odróżniało naszych wczesnych przodków od innych, żyjących na wielkich sawannach naczelnych i sterowało ewolucją wielkości ich mózgów dwa i pół miliona lat wcześniej, aby w coraz bardziej przemyślny sposób mogli się łatwiej komunikować i radzić sobie w pogarszającym się środowisku.

***

Dotąd bardzo mało odwoływałem się do genetyki, która ma odegrać istotną rolę w tej książce. Znaczna część ludzkiej historii z minionych dwóch i pół miliona lat została zrekonstruowana jako kombinacja badań wykopanych kości i minionych klimatów. Wszystkie gatunki oprócz ludzkiego wymarły, niektóre bardzo dawno, więc nie możemy badać ich żywych genów. Nie oznacza to, że genetyka nie ma nic do powiedzenia na temat ciemnych wieków naszej ewolucji, przed pojawieniem się na scenie ludzi rozumnych. W latach siedemdziesiątych XX wieku kilku genetyków zaczęło używać zgrubnych narzędzi genetycznych do mierzenia podobieństwa białek między gatunkami i zasugerowali, że szympansy są naszymi bliższymi krewnymi, niż sobie to dotąd wyobrażaliśmy. Ich sugestia spotkała się na początku z drwiną, lecz w miarę jak techniki porównawcze przeszły od immunologii do demonstracji podstawowych genetycznych podobieństw i w końcu do precyzyjnego mierzenia różnic genetycznych, zostali zrehabilitowani. Utrwaliło się przekonanie, że jesteśmy o wiele bliżej skoligaceni z szympansami niż z innymi wielkimi małpami człekokształtnymi, gorylami i orangutanami, a nasze wspólne linie rozszczepiły się nie więcej niż pięć milionów lat temu[39].

Stwierdzenie, że nie pozostały żadne geny wymarłych ludzkich gatunków, również nie jest w pełni prawdziwe. Większość naszych genów jądrowych w niemal nietkniętej postaci odziedziczyliśmy po człowiekowatych przodkach i małpach człekokształtnych. Niektóre geny człowiekowatych można odnaleźć w kilku postaciach, które odszczepiały się od siebie, zanim pojawiliśmy się na Ziemi. Uczeni również wydobyli krótkie fragmenty nici mitochondrialnego DNA z pewnej liczby neandertalskich kości i są teraz w stanie odpowiedzieć na podstawowe pytanie, jak bardzo jesteśmy z nimi spokrewnieni i czy jakieś ich geny pozostały w populacjach ludzi rozumnych.

Jednakże prawdziwa rewolucja w rozumieniu genetycznej historii ludzkości obejmuje ostatnie 200 000 lat, a to okres, jaki nas najbardziej interesuje. Nowa genetyka rzuciła snop jasnego światła na sporne pole, poprzednio zdominowane przez zbiory europejskich

i afrykańskich narzędzi kamiennych i kilka marnie datowanych resztek szkieletów. Nim zajmiemy się detalami śledzenia genetycznego, pomocne będzie przyjrzenie się kilku ideom genetycznego dziedziczenia i temu, jak ewoluowały. Główne koncepcje są proste, zbliżone do naszego codziennego rozumowania i zainteresowania dziedziczeniem, ale często są błędnie przedstawiane, albo z powodu szumu informacyjnego, albo za sprawą specyficznego żargonu.

TRZY SEKRETY GROCHU

Ludzie mieli jakieś pojęcie o dziedziczeniu od czasu udomowienia pierwszych zwierząt i roślin. Farmerzy w sposób przemyślany starali się w hodowli eliminować niepożądane cechy, takie jak olbrzymie rozmiary lub agresja. Ziarno zbóż hodowano, zwiększając jego rozmiar i łatwość uprawy. Jednakże znaczna część szczegółów wiedzy farmerskiej była fundamentalnie błędna, choć z grubsza funkcjonalna. Spekulacje na temat dokładnego mechanizmu i zasad dziedziczenia zaczęły narastać w połowie XIX wieku po opublikowaniu przez Karola Darwina *O powstawaniu gatunków*, ale Darwinowskie zrozumienie zasad dziedziczenia nie było o wiele bardziej zaawansowane niż jego poprzedników. Natomiast współczesny mu dziewiętnastowieczny czeski zakonnik Grzegorz Mendel jako pierwszy stworzył logiczne ramy wyjaśnienia, w jaki sposób są przekazywane cechy rodziców. Dokonał tego na podstawie obsesyjnych matematycznych wyliczeń o dziedziczeniu kolorów i kształtu roślin grochu.

Mendel przede wszystkim pokazał, że dla każdej *cechy* fizycznej, takiej jak kolor kwiatu, każda roślina grochu ma dwa geny (choć używał innej nazwy), które determinują jej ekspresję, czyli ujawnienie. Wariacja względnej dominacji między tymi dwoma genami determinuje ich ekspresję w roślinie. Podczas procesu rozmnażania tylko jeden z tych genów jest dostarczany przez każdego z rodziców do każdej rośliny potomnej. Zatem każdy

potomek dziedziczy mieszaninę cech obojga rodziców, jako efekt kombinacji dwóch genów determinujących każdą cechę fizyczną w każdym pokoleniu. Ponieważ każdy rodzic mógł mieć różne działające typy genów, na przykład różne kolory płatków dla każdej pary genów i tylko jeden z dwóch został wybrany przypadkowo, proporcje różnych wariacji potomstwa tworzą wzorzec, który można przewidzieć na podstawie znajomości cech każdego rodzica. W ten sposób Mendel pokazał, że dziedziczenie cech dokonuje się przez przekazywanie dyskretnych pakietów informacji. Wariacja u potomstwa jest precyzyjną, lecz przypadkową mieszaniną tych pakietów lub genów dla każdej istoty, czy to ziarno grochu, czy człowiek.

Mendel ostrożnie wybrał proste, powszechne i łatwo odróżnialne cechy, by każdą zbadać indywidualnie. W rzeczywistości ekspresja niektórych cech fizycznych jest określona przez więcej niż jeden gen, a mamy około 30 000 par działających genów, gdyż jesteśmy raczej skomplikowanymi organizmami. Tak więc widoczna przypadkowa wariacja między bliźniakami w tej samej rodzinie nie jest rezultatem żadnej niejasności w procesie dziedziczenia, ale powstaje, gdyż wielka liczba genów jest przypadkowo dobierana podczas rozmnażania płciowego. Tak wielka liczba genów w różnych kombinacjach ma olbrzymi potencjał zróżnicowania. A przy okazji ekstremalne podobieństwo identycznych bliźniaków pozwala nam zerknąć na precyzję konwersji dziedziczenia na postać fizyczną. Niezwykłym osiągnięciem Watsona, Cricka i Rosalindy Franklin było przetłumaczenie odkryć Mendla na biochemię – lub biologię molekularną, gdyż pod taką nazwą ta część biochemii jest znana.

TEKTUROWE KLUCZE ŻYCIA

„Jesteśmy produktami naszych genów”. Sekretne klucze tego edwardiańskiego truizmu zostały naszkicowane i wycięte z kawałków kartonu przez dwóch odważnych naukowców, Jima Watsona i Francisa Cricka w 1953 roku[40]. Ich „kluczami” były diagramy skali

czterech związków chemicznych (zasad azotowych), których unikatowy przestrzenny układ wiązań zamykała cząsteczka kwasu dezoksyrybonukleinowego (DNA), przechowująca kod całego życia na Ziemi. Te kawałki kartonu odkryły mechanizm łączący pracę Mendla z teorią ewolucji przez dobór naturalny opisany przez Darwina w *O powstawaniu gatunków*. Watson i Crick wytłumaczyli dokładnie, jak tysiące unikatowych cech zmieniają się od osobnika do osobnika i nietknięte są przekazywane z pokolenia na pokolenie. Mówiąc krótko, był to największy w XX wieku postęp w biologicznym rozumieniu świata.

Wewnątrz każdej komórki naszego ciała mamy niewiarygodnie długie nici DNA. To substancja naszych genów. Ona przechowuje, powiela i przekazuje dalej unikatowe cechy – nasze genetyczne dziedzictwo. Nici DNA przechowują wzorcowe kody wszystkich białek, służących do budowy części naszego ciała. Kody są „zapisane" w postaci kombinacji czterech związków chemicznych zwanych podstawowymi nukleotydami (oznaczanych literami A, G, C i T), które dostarczają wszystkie instrukcje potrzebne do zbudowania naszych ciał. Dziedziczymy DNA od naszych rodziców, a ponieważ od obojga otrzymujemy unikatową mieszaninę, każdy z nas ma nieco inne nici DNA niż ktokolwiek inny. Nasz własny DNA jest jak odcisk palca.

W procesie reprodukcji DNA rodziców jest kopiowany i przekazywany w równych proporcjach. Ważne, aby wiedzieć, że choć większość DNA jest segregowana podczas reprodukcji, niewielka część ich wkładu jest w każdym pokoleniu przetasowana i wymieszana. Mieszanie nie jest tutaj przypadkową, masową alokacją genów wymyśloną przez Mendla, lecz drobnymi przesunięciami, duplikacjami i przestawieniami składowych DNA ojca i matki, co znamy pod techniczną nazwa *rekombinacji*. Na szczęście dla genetycznych celów badawczych, niewielkie porcje DNA nie są rekombinowane. Nierekombinowany DNA łatwiej jest śledzić wstecz, gdyż podczas przekazywania z pokolenia na pokolenie informacja pozostaje nieuszkodzona. Te dwie porcje są znane jako mitochondrialny DNA (mtDNA) i nierekombinowana część chromosomu Y (NRY).

MITOCHONDRIALNY DNA: GEN EWY

Powiedzenie, że otrzymujemy dokładnie połowę naszego DNA od ojca i połowę od matki, nie jest całkiem prawdziwe. Jeden malutki kawałek DNA dziedziczymy wyłącznie w linii żeńskiej. Nazywamy go mitochondrialnym DNA, ponieważ zawiera unikatowe koliste pasmo w małych cylindrycznych pakietach znanych jako mitochondria, które służą jako baterie w komórce cytoplazmy. Niektórzy biolodzy molekularni mówią, że przed eonami[41] mitochondrion był wolno żyjącym organizmem z własnym DNA i posiadł sekret generowania masy energii. Przeniknął do jednokomórkowych jądrzastych organizmów i pozostał tam do dziś, rozmnażając się jak drożdże przez podział. Mężczyźni, choć otrzymują i używają mitochondrialnego DNA matki, nie potrafią go przekazywać swym dzieciom. Sperma ma własne mitochondria stanowiące źródło energii na długą drogę z pochwy do komórki jajowej. U wejścia do komórki jajowej męskie mitochondria zanikają i umierają. To tak jakby mężczyzna zostawiał broń przed progiem.

A więc każdy z nas dziedziczy mtDNA od własnej matki, która z kolei dziedziczy je nietknięte od swojej matki i tak dalej w głąb pokoleń – stąd popularna nazwa mtDNA – „gen Ewy". Ostatecznie każda żyjąca osoba ma mitochondrialny DNA odziedziczony od swojej praprapra... prababki sprzed niemal 200 000 lat. Dlatego mtDNA daje nam rzadki punkt stabilności wśród ruchomych piasków dziedziczenia DNA. Jednakże, jeżeli wszystkie chromosomy Ewy w dzisiejszym świecie byłyby dokładnymi kopiami oryginalnego mtDNA pierwszej Ewy, to jasne, że byłyby identyczne. Byłby to cud, który oznaczałby, że mtDNA nie powiedziałby nam wiele o naszej prehistorii. Informacja, że wszystkie kobiety pochodzą od jednej wspólnej pramatki Ewy, jest ekscytująca, ale nie posunęłaby nas zbyt daleko i nie pomogłaby nam w śledzeniu życia jej córek. Potrzebujemy czegoś z niewielką zmiennością.

Właśnie tu wkraczają na scenę mutacje. W trakcie dziedziczenia mtDNA od matki od czasu do czasu trafia się zmiana lub mutacja jednej lub kilku „liter" kodu mtDNA – mniej więcej jedna mutacja na

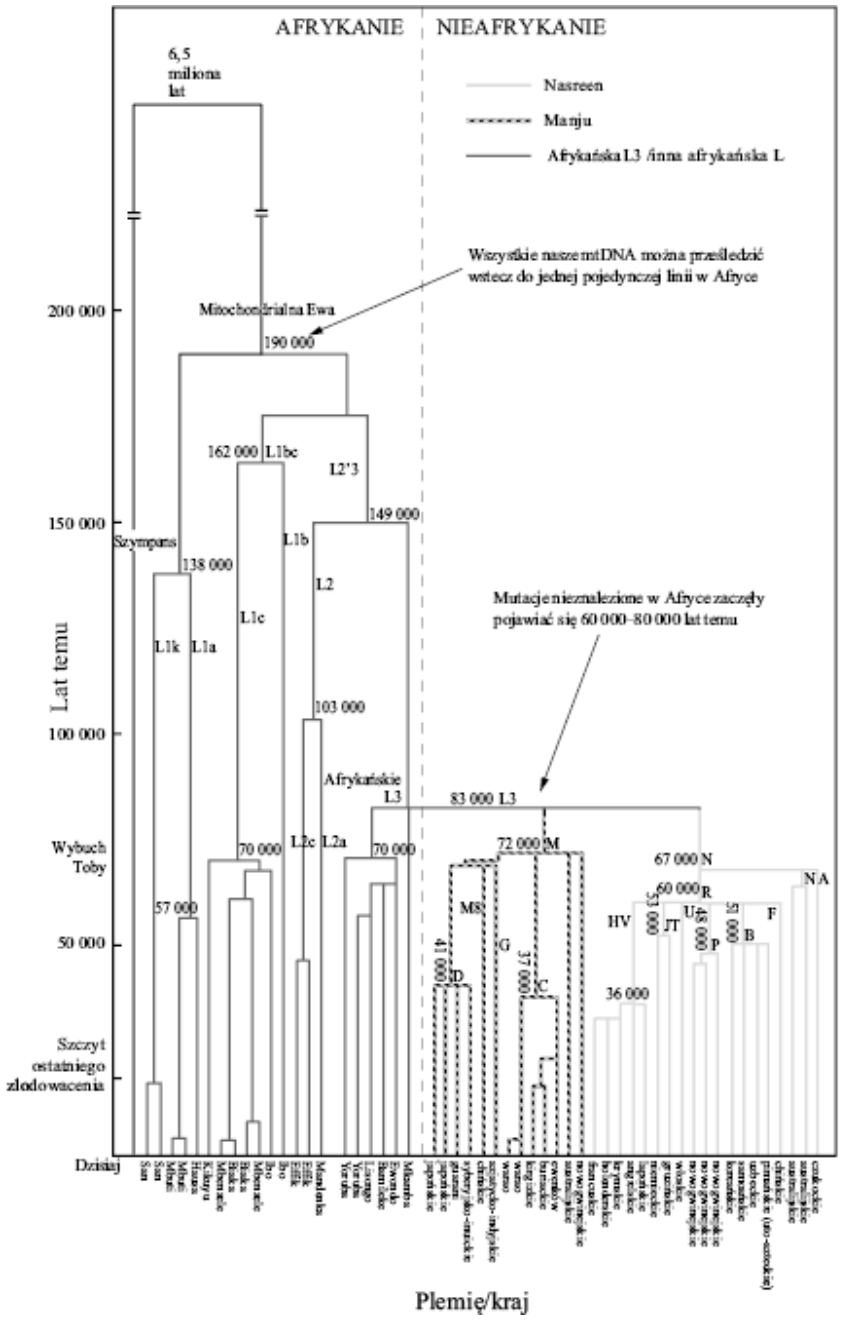
każde tysiąc pokoleń[42]. Ta nowa litera zwana *mutacją punktową* jest potem przekazywana kolejnym córkom. Choć nowa mutacja jest rzadkim zdarzeniem w linii pojedynczej rodziny, całkowite prawdopodobieństwo mutacji oczywiście rośnie z liczbą matek mających córki. Milion matek w jednym pokoleniu może więc mieć około tysiąca córek z nowymi mutacjami, każdą odmienną od pozostałych. Właśnie dlatego bez wspólnego żeńskiego przodka w ciągu ostatnich około 10 000 lat musimy mieć nieco różny kod.

UŻYCIE MUTACJI DO BUDOWANIA DRZEWA

Przez okres niemal 200 000 lat liczba niewielkich losowych mutacji powoli się akumulowała w różnych ludzkich cząsteczkach mtDNA przekazywanych córkom Ewy na całym świecie. Dla każdego oznacza to od siedmiu do piętnastu mutacji w naszym własnym genie Ewy. Mutacje są zatem skumulowanym dossier naszej własnej matczynej prehistorii. Głównym zadaniem mtDNA jest przekazanie swej kopii nowemu pokoleniu. Mutacji możemy użyć do rekonstrukcji drzewa genetycznego mtDNA, każda nowa mutacja bowiem to perspektywa nowej matczynej komórki jajowej przekazywanej w nieskończoność wszystkim potomkom w linii żeńskiej. Zatem każda linia żeńska jest określona przez nową i wszystkie poprzednie mutacje. W rezultacie, znając wszystkie kombinacje mutacji kobiet żyjących na całym świecie, możemy logicznie zbudować drzewo genealogiczne wstecz aż do pierwszej matki.

Choć łatwo to narysować na odwrocie koperty dla kilku mutacji mtDNA wstecz, problem staje się o wiele bardziej złożony, gdy mamy do czynienia z całą ludzką rasą z tysiącami kombinacji mutacji. Dlatego do rekonstrukcji używamy komputerów. Patrząc na próbki kodu DNA ludzi żyjących współcześnie i składając kawałki zmian w kod, jaki powstał w ciągu pokoleń, biologowie mogą śledzić linie dziedziczenia wstecz do odległych wspólnych przodków. Ponieważ mtDNA dziedziczymy tylko od matek, linie dziedziczenia dadzą obraz żeńskiej genealogii ludzkiego gatunku.

Możemy nie tylko śledzić wstecz drzewo genealogiczne, ale biorąc pod uwagę, skąd próbkowani ludzie pochodzą, zobaczyć także, *gdzie* pewne mutacje nastąpiły – na przykład w Europie, w Azji lub w Afryce. Ponadto, ponieważ zmiany zdarzają się statystycznie konsekwentnie (choć przypadkowo), możemy określić w przybliżeniu *czas*, kiedy nastąpiły. Stało się to możliwe pod koniec lat dziewięćdziesiątych XX wieku i na początku nowego stulecia. Możemy teraz zrobić coś, o czym archeolodzy minionych czasów nawet nie mogli marzyć: prześledzić migracje ludzi rozumnych na naszej planecie. Okazuje się, że najstarsze zmiany naszego mtDNA dokonały się w Afryce 150 000–190 000 lat temu. Potem nowe mutacje zaczęły pojawiać się w Azji, około 60 000–80 000 lat temu (rysunek 0.3). To mówi nam, że ludzie rozumni ewoluowali w Afryce, po czym część z nich emigrowała z Afryki do Azji nie więcej niż 80 000 lat temu.



Rysunek 0.3. Prawdziwe żeńskie drzewo genetyczne 52 przypadkowo wybranych osób z całego świata. Warto zwrócić uwagę na wiek mitochondrialnej Ewy. Datowanie gałęzi przez autora oparte na kompletnej sekwencji danych: data łącząca szympansa z człowiekiem wynika z analizy, co oznacza, że nie pochodzi z dowodów archeologicznych – zob. przypis 22 w rozdziale 1.

Ważne, aby uświadomić sobie, że z powodu przypadkowej natury indywidualnych mutacji datowanie jest tylko przybliżone. Istnieją

różne matematyczne sposoby datowania migracji populacji, wypróbowane z różnym sukcesem w latach dziewięćdziesiątych XX wieku, lecz jedna metoda ustanowiona w roku 1996, datująca każdą gałąź drzewa genetycznego średnią liczbą nowych mutacji w linii żeńskiej[43] wytrzymała próbę czasu i z niej przede wszystkim korzystam w tej książce.

CHROMOSOM Y: GEN ADAMA

Analogiem do przekazywanego jedynie w linii żeńskiej mtDNA rezydującego poza jądrem komórkowym jest zestaw genów wewnątrz jądra przekazywany jedynie w linii męskiej. To chromosom Y, ostoja męskości. Poza niewielkim segmentem chromosom Y nie odgrywa żadnej roli w chaotycznej wymianie DNA, na jaką pozwalają sobie inne chromosomy. Oznacza to, że tak jak w mtDNA, nierekombinowana część chromosomu Y pozostaje nienaruszona z pokolenia na pokolenie i pozwala śledzić nieprzerwaną linię męską aż do oryginalnego przodka.

Chromosomy Y wykorzystujemy do rekonstrukcji drzew krócej niż mtDNA i stwarzają one więcej problemów z ustalaniem odległości w czasie. Jeżeli ten problem zostanie rozwiązany, NRY może mieć znacznie większą od mtDNA moc czasowej i geograficznej rozdzielczości, zarówno dla niedawnej, jak i odległej przeszłości. Po prostu dlatego, że NRY jest znacznie większy od mtDNA i w konsekwencji ma większy potencjał wariacji.

Na razie chromosomy Y pomogły nakreślić genetyczny ślad równoległy do śladu mtDNA. Główne geograficzne punkty rozgałęzień wspierają historię opowiedzianą przez mtDNA. Wskazują na wspólnego przodka wszystkich ludzi rozumnych w Afryce i późniejszych przodków wszystkich nie-Afrykanów w Azji. Dodatkowo, ponieważ męskie zachowanie różni się w kilku kluczowych kwestiach od kobiecego, historia opowiedziana przez geny Adama dodaje kilka interesujących szczegółów. Pierwszą różnicą jest większe zróżnicowanie liczby potomków u mężczyzn niż

u kobiet: nieliczni mężczyźni mieli znacząco więcej potomków niż reszta. Kobiety przeciwnie, dążyły do posiadania bardziej wyrównanej, „równej” liczby dzieci. W wyniku tego większość męskich linii wymarła o wiele gwałtowniej niż w przypadku linii kobiecych i pozostało kilka dominujących męskich linii genetycznych.

Inną różnicą jest ruch. Często podkreślano, że ponieważ kobiety zwykle podróżowały do wsi swoich mężów, ich geny w konsekwencji musiały być bardziej mobilne. Paradoksalnie, o ile to mogła być prawda w jednym regionie kulturowym, skutkowało to szybkim wymieszaniem i rozproszeniem mtDNA w tym regionie. W podróżach między regionami lub w dalekich międzykontynentalnych migracjach, na przykład zamorskich, ciężar opieki nad dziećmi ograniczał kobiecą mobilność. Grupy dokonujące łupieżczych rajdów były również zdominowane przez mężczyzn, co skutkowało mobilnością chromosomu Y.

A teraz punkt kończący informacje o metodach genetycznego śledzenia migracji: jest ważne, by odróżniać nowe podejście do śledzenia historii cząsteczek na drzewie DNA zwane filogeografią (dosłownie „geografią drzewa”) od klasycznej genetyki populacyjnej, czyli uznanych za klasyczne i stosowanych od dziesięcioleci, matematycznych badań historii wszystkich ludzkich populacji. Obie dyscypliny wykorzystują te same mendlowskie zasady biologiczne, lecz mają całkiem różne cele i założenia, a ich rozróżnienie jest źródłem niezrozumienia i kontrowersji. Najprościej to wyjaśnić stwierdzeniem, że filogeografia bada prehistorię indywidualnych molekuł DNA, podczas gdy genetyka populacyjna zajmuje się prehistorią populacji. Mówiąc inaczej, każda ludzka populacja zawiera wiele wersji poszczególnych cząsteczek DNA, z których każda ma własną historię i różne pochodzenie. Chociaż te dwa różne podejścia do ludzkiej prehistorii nie mogą reprezentować dokładnie tego samego, ich wspólnym celem jest śledzenie ludzkich migracji. Śledzenie indywidualnych cząsteczek, jakie nosimy, jest znacznie łatwiejsze od próby śledzenia całych grup.

NAZYWANIE LINII GENETYCZNYCH

W tej książce odwołuję się wymiennie do żeńskich i męskich klanów, linii genetycznych, rodów, grup/gałęzi genetycznych, a nawet haplogrup. Wszystkie te terminy oznaczają w znacznej mierze to samo: członków wielkiej grupy dzielących typy genetyczne wspólnego przodka (zwykle przez mtDNA lub chromosom Y). Wielkość tych grup jest do pewnego stopnia arbitralna i zależy jedynie od tego, jak głęboko podstawa gałęzi tkwi w drzewie genetycznym. Jedna rzecz, która szybko staje się oczywista przy studiowaniu drzew genetycznych, to brak zunifikowanego nazewnictwa gałęzi. Szczególnie dla chromosomu Y każda nowa praca naukowa proponuje nowy system naukowego nazewnictwa oparty na różnych „firmowych" znacznikach genetycznych używanych w różnych laboratoriach badawczych. Z tego powodu porównywanie różnych badań staje się żmudnym i powtarzającym się testem granic pamięci czytelnika. Natomiast budowane w tle drzewo pozostaje mniej więcej takie samo we wszystkich laboratoriach. Ostatnio opublikowano uzgodnioną nomenklaturę Y z literami od A do R, opisującymi główne gałęzie genetyczne drzewa[44]. O ile to możliwe, używam tego nazewnictwa w przypisach i rysunkach. Kłopot w tym, że nawet te osiemnaście liter i lokalizację w drzewie trudno zachować w głowie, przynajmniej w mojej. Fakt, że są to same litery, jeszcze pogarsza sprawę.

Na szczęście naszą pamięć wspierają często kontekst i skojarzenia. Z tego powodu i tylko dlatego nadałem imię każdej głównej gałęzi i innym, do których się często odwołuję. Niektóre imiona są regionalne – tak jak Ho dla jednej chińskiej/południowoazjatyckiej gałęzi Y (na cześć południowoazjatyckiego eksploratora admirała Chenga Ho, a także na pamiątkę Ho Szi Mina, wietnamskiego bohatera narodowego). Inne imiona mają korzenie biblijne, jak Adam dla założycielskiej linii Y, która opuściła Afrykę i jej trzech linii pochodnych: Kain, Abel i Set (zob. dodatek 1 i 2). Nadając te nazwy, nie miałem żadnych głębszych zamiarów – mają jedynie pomagać pamięci.

Obraz mtDna jest nieco łatwiejszy. Wiele różnych laboratoriów uzgodniło na wczesnym etapie podjęcie próby używania pojedynczego nazewnictwa (być może w tym procesie było mniej testosteronu!). Na przykład są dwie uznane nieafrykańskie linie-córki, „N" i „M", pojedynczej linii L3, która opuściła Afrykę. Nadałem im imiona Nasreen, dla podkreślenia jej południowoarabskiego pochodzenia, i Manju, dla zgodności z pochodzeniem z subkontynentu indyjskiego.

5 *Powstawanie człowieka* – przełomowy dokumentalny serial popularnonaukowy BBC z roku 1973. Jego autorem i narratorem był Jacob Bronowski. Tytuł nawiązuje do dzieła Darwina *O pochodzeniu człowieka* (przyp. tłum.).

6 *Powstanie ludzkości* – książka i dokumentalny serial popularnonaukowy telewizji BBC z roku 1981. Autorem i narratorem był Richard Leakey, angielsko-kenijski antropolog i przyrodnik (przyp. tłum.).

7 Senuta B. et al., *First hominid from the Miocene (Lukeino Formation, Kenya)*, „Earth and Planetary Sciences" 2001, nr 332, s. 137–144. Ten artykuł zawiera kontrowersyjną argumentację, że nowo odkryty hominid, *Orrorin tugenensis*, jest przodkiem rodzaju *Homo* sprzed 6 milionów lat zastępującym dotychczas uznanego rywala *Ardipithecus/Australopithecus ramidus* (sprzed 4–5 milionów lat: White T.D. et al., *Australopithecus ramidus, a new species of early hominid from Aramis, Ethiopia*, „Nature" 1994, nr 371, s. 306–312) z gałęzi *Pan* (szympans). W wyniku tego rozszczepienia linia *Pan/pre-Homo* zostaje cofnięta do 8 milionów lat. Na temat pierwszego jasnego dowodu dwunożności zob. świetne zdjęcia stawu kolanowego hominida na s. 44–45 w: Leakey M., *The farthest horizon*, „National Geographic" 1995 nr 188 (wrzesień), 38–51.

8 Wheeler P.E., *Human ancestors walked tall, stayed cool*, „Natural History" 1993, nr 102 (2), s. 65–67.

9 Elton S. et al., *Comparative context of Plio-Pleistocene hominid brain evolution*, „Journal of Human Evolution" 2001, nr 41, s. 1–27; zob. s. 19: *Paranthropus* i kamienne narzędzia oraz s. 21: *Paranthropus* i mięso. Dodatkowe oryginalne dane do porównania rozmiarów mózgu hominidów z tego rozdziału w: Ruff C.B. et al., *Body mass and encephalization in Pleistocene Homo*, „Nature" 1997, nr 387, s. 173–176.

10 Elton S. et al., op. cit.

11 Ludzie z Saldanha 1 i Kabwe (Broken Hill 1) mieli mózgi o objętościach odpowiednio 1225 i 1280 cm^3 i obaj należeli do *Homo rhodesiensis.* Ich wiek

został ostatnio ponownie oceniony stratygraficznie na 1,07–1,3 miliona lat, zob. McBrearty S., Brooks A.S., *The revolution that wasn't: A new interpretation of the origin of modern human behavior*, „Journal of Human Evolution" 2000, nr 39, s. 453–563, zwłaszcza s. 461, 468, 482.

12 Aiello L.C., Wheeler P., *The expensive tissue hypothesis: The brain and the digestive system in human and primate evolution*, „Current Anthropology" 1995, nr 36, s. 199–221.

13 Elton S. et al., op. cit., s. 23.

14 Elton S. et al., op. cit.

15 McBrearty S., Brooks A., op. cit., s. 482.

16 Elton S. et al., op. cit., s. 19, 21.

17 Foley R., Lahr M.M., *Mode 3 technologies and the evolution of modern humans*, „Cambridge Archaeological Journal" 1997, nr 7 (1), s. 3–36; zob. także Lahr M.M., Foley R., *Towards a theory of modern human origins: Geography, demography, and diversity in recent human evolution*, „Yearbook of Physical Anthropology" 1998, nr 41, s. 137–176.

18 Kolejną serię silnych zlodowaceń potwierdzają badania izotopowe tlenu, zob. Rossignol-Strick M. et al., *An unusual mid-Pleistocene monsoon period over Africa and Asia*, „Nature" 1998, nr 392, s. 269–272, Rys. 1b. *Homo rhodesiensis* jest bardzo podobny do europejskiego *Homo heidelbergensis*; te terminy czasami bywają używane wymiennie (dalsze wyjaśnienia zob. McBrearty S., Brooks A., op. cit., s. 480). Na temat objętości mózgu aż 1250 cm^3: Ruff C.B. et al., *Body mass and encephalization in Pleistocene Homo*, „Nature" 1997, nr 387, s. 173–176, op. cit. O technologii aszelskiej zob. Foley R., Lahr M.M., op. cit., rys. 5.

19 Na temat kolejnego natarcia bardzo silnego zlodowacenia zob.Lahr M.M., Foley R., op. cit. Ściśle kladystyczne podstawy uzasadniają zaliczenie archaicznego *Homo sapiens* do *Homo sapiens sensu lato.* Moje podsumowanie jest zbytnim uproszczeniem dyskusji w: McBrearty S., Brooks A., op. cit., s. 458; i Foley R., Lahr M.M., op. cit.

20 Opinie są podzielone, czy *Homo neanderthalensis* ewoluował w Europie i na Bliskim Wschodzie z ostatniego całkiem niedawnego rozproszenia, czy z *Homo heidelbergensis* z epoki o wiele wcześniejszego wyjścia z Afryki, zob. Lahr M.M., Foley R., op. cit. (także w McBrearty S., Brooks A., op. cit., s. 480–481). Sekwencjonowanie neandertalskiego mtDNA sugeruje molekularne wymieszanie z ludźmi rozumnymi (nowoczesnymi) około 500 000 lat temu (Krings M. et al.,

DNA sequences of the mitochondria! hypervariable region II from the Neanderthal type specimen, „Proceedings of the National Academy of Sciences USA" 1999, nr 96, s. 5581–5585). Zgodność na poszczególnym *locus* molekularnym to niekoniecznie to samo co rozszczepienie gatunku (lub populacji). Zgodność dla innych *loci*, np. pewien jądrowy polimorfizm w obrębie ludzi współczesnych, sięga wstecz o wiele dalej. Nawet jeżeli *Homo neanderthalensis* i *Homo sapiens* są traktowani jako różne rasy *Homo sapiens* (*sensu lato*) (lub *Homo helmei*), łączący ich mtDNA może sięgać wstecz pół miliona lat (tzn. daleko przed wzorzec typu archaicznego *Homo sapiens*) bez względu na dokładność ustalenia, kiedy przodek neandertalczyków opuścił Afrykę. Stringer uznaje *Homo heidelbergensis* za przodka współczesnych ludzi i neandertalczyków i dąży do umieszczenia azjatyckich wzorców takich jak Dali, Maba, Narmada i Zuttiyeh w tej grupie. Zob. Stringer C., *Current issues in modern human origins*, w: W.E. Meikle et al. (red.), *Contemporary Issues in Human Evolution*, California Academy of Sciences, San Francisco 1996, s. 115–134.

21 Warto podkreślić, *Homo sapiens* bez żadnego dodatkowego kwalifikatora oznacza anatomicznie nowoczesnego *Homo sapiens* (*sensu stricto*). O spadku populacji do 10 000 osobników zob. Takahata N. et al., *Divergence time and population size in the lineage leading to modern humans*, „Theoretical Population Biology" 1995, nr 48, s. 198–221.

22 Ruff C.B. et al., op. cit.

23 Dyskusja o baldwinowskiej koewolucji zob. Deacon T., *The Symbolic Species*, Penguin, London 1997, s. 322–334.

24 O ewolucji kulturowych cech lub „memów" zob. Blackmore S., *Maszyna memowa*, przeł. N. Radomski, Dom Wydawniczy Rebis, Poznań 2002.

25 Deacon T., op. cit., s. 214–216.

26 Ibid, rozdz. 8 i 9.

27 Ibid., s. 248–250.

28 Walenie mają mózgi podobnych co człowiek rozmiarów, ale znacznie większe ciała. A przy okazji zakładam, że psy z mózgami znacznie mniejszymi od naszych mają doskonałą zdolność zapamiętywania osobistych zapachów, razem ponad 300: zob. tabela 2.10 w: Gamble C., *The Palaeolithic Societies of Europe*, Cambridge World Archaeology, Cambridge University Press 1999, s. 54, na temat wymiany dóbr materialnych: ibid., rozdział 2.

29 Ibid., s. 53–55.

30 Zob. omówienie i interpretację pracy KÖhlera w: Englefield R., *Language: Its Origin and Relation to Thought*, red. G.S. Wells, D.R. Oppenheimer, Elek Pemberton, London 1977, rozdział 1; a także uaktualnienie w: Wells G., *The Origin of Language*, Rationalist Press Association, London 1999.

31 Savage-Rumbaugh E.S., Lewin R., *Kanzi: The Ape at the Brink of the Human Mind*, John Wiley, New York 1994; Deacon T., op. cit., zwłaszcza s. 413–414.

32 Englefield R., op. cit.; Wells G., op. cit. We wspomnianych publikacjach także przystępny historyczny przegląd ewolucyjnego spojrzenia na teorię języka *versus* teoria językowego „wielkiego wybuchu".

33 Pinker S., *The Language Instinct: The New Science of Language and Mind*, Penguin, London 1995; Chomsky N., *Language and Mind*, Harcourt, Brace & World, New York 1968. Na temat koncepcji wywodzącej się od Platona zob. Englefield R., op. cit., s. 131. Grimm J., *Über den Urschprung der Sprache*, w: L. Spiedel (red.), *Aus den kleineren Schriften von Jacob Grimm*, Berlin 1911, s. 268. Müller F.M., *The Science of Language*, t. I, Longmans, London 1891, s. 490; t. II, s. 79.

34 Clottes J. et al., *Radiocarbon dates for the Chauvet-Pont-d'Arc cave*, „International Newsletter on Rock Art (INORA)" 1995, nr 11, s. 1–2.

35 Crow T.J., *Did Homo Sapiens speciate on the Y chromosome?*, „Psycoloquy" 2000, nr 11 (001) (także w http://www.cogsci.soton.ac.uk/cgi/psyc/newpsyPll.001); idem, *Schizophrenia as the price that Homo sapiens pays for language: A resolution of the central paradox in the origin of the species*, „Brain Research Reviews" 2000, nr 31, s. 118–129; idem, *Sexual Selection, Timing and an X-Y Homologous gene: did Homo sapiens Speciate on the Y Chromosome*, „Proceedings of the British Academy" 2002, nr 106, s. 197–216.

36 Crow T.J., *Did Homo Sapiens speciate on the Y chromosome?*, „Psycoloquy" 2000, nr 11 (001) (także w http://www.cogsci.soton.ac.uk/cgi/psyc/newpsyPll.001); idem, *Schizophrenia as the price that Homo sapiens pays for language: A resolution of the central paradox in the origin of the species*, „Brain Research Reviews" 2000, nr 31, s. 118–129; idem, *Sexual Selection, Timing and an X-Y Homologous gene: did Homo sapiens Speciate on the Y Chromosome*, „Proceedings of the British Academy" 2002, nr 106, s. 197–216.

37 Ludzka zdolność mówienia, obejmująca wnioskowanie leksykalne, składniowe i symboliczne oraz analizę fonemiczną (w przeciwieństwie do nauki nowego języka), może być osiągnięta jedynie w krytycznym okresie wczesnego dzieciństwa, kiedy szczegółowe zdolności uczenia się na pamięć są jeszcze raczej

ubogie. Potem to czasowe okno zdolności uczenia się pierwszego języka zostaje mocno przymknięte, a w każdym przypadku klasyczne centra mowy Broki i Wernickego ewoluują, zmieniając krytyczne cechy w okresie ludzkiego rozwoju, tzn. na początku stają się plastyczne i jeżeli zostały uszkodzone na bardzo wczesnym etapie rozwoju, ich funkcje mogą zostać przejęte do pewnego stopnia przez inne ośrodki; zob. Deacon T., op. cit., s. 282–288, 307.

38 Crow T.J., *Did Homo Sapiens*..., op. cit.; Klein R.G., *Anatomy, behavior, and modern human origins*, „Journal of World Prehistory" 1995, nr 9, s. 167–198.

39 Na temat bliższego pokrewieństwa ludzi i szympansów zob. tabela 3 w: Sarich V., *A molecular approach to the question of human origins*, w: P. Dolhinow, V. Sarich (red.), *Background for Man*, Little Brown, Boston 1971, s. 73. Rozszczepienie, do którego doszło niewiele ponad 5 milionów lat temu, według najnowszych oszacowań nastąpiło 6,5 miliona lat temu – zob. Goodman M. et al., *Toward a phylogenetic classification of primates based on DNA evidence complemented by fossil evidence*, „Molecular Phylogenetics and Evolution" 1998, nr 9, s. 585–598. 6,5 miliona lat to również wiek rozszczepienia szympansów i ludzi uzyskany przez autora (zob. rysunek 0.3) przez ekstrapolację na podstawie innej metody kalibracji i z użyciem kompletnej sekwencji danych mtDNA (niepublikowana analiza SJO).

40 Osobiste spojrzenie: zob. Watson J.D., *Podwójna helisa: historia odkrycia struktury DNA*, przeł. W. Zagórski, Prószyński i S-ka, Warszawa 1996.

41 Największa formalna jednostka geochronologiczna, dzieląca się na ery i wynosząca co najmniej 500 mln lat (przyp. tłum.).

42 Takie tempo mutacji stwierdza się na podstawie sekwencji HVS 2 z zazwyczaj badanego regionu kontrolnego mtDNA – zob. opis metod w: Forster P. et al., *Origin and evolution of Native American mtDNA variation: A reappraisal*, „American Journal of Human Genetics" 1996, nr 59, s. 935–945.

43 Opis metod w: Forster P. et al., op. cit.; Saillard J. et al., *mtDNA variation among Greenland Eskimos: The edge of the Beringian expansion*, „American Journal of Human Genetics" 2000, nr 67, s. 718–726.

44 Na temat nomenklatury zob. The Y Chromosome Consortium, *A nomenclature system for the tree of human Y-chromosomal binary haplogroups*, „Genome Research" 2002, nr 12, s. 339–348.

Rozdział 1

Wyjście z Afryki

Jednym z najlepiej utrwalonych przez media obrazów popularnej genetyki była w latach osiemdziesiątych ubiegłego stulecia okładka „Newsweeka” pokazująca wysublimowany i atrakcyjny portret nagich Adama i Ewy, dzielących się jabłkiem pod okiem spoglądającego spomiędzy nich z aprobatą węża. Dzięki tej okładce sprzedano rekordową liczbę numeru pisma. Niezależnie od szumu medialnego, „Newsweek” doniósł w tym wydaniu o dwóch ważnych odkryciach. Pierwsze to opublikowany w 1987 roku nowy dowód, że pewne geny mogą być przekazywane tylko przez matki. Ta praca amerykańskiej genetyczki Rebeki Cann i jej kolegów rozwiązywała starą kłótnię o miejsce narodzenia współczesnego człowieka. Nowe odkrycia wskazywały, że „rodzina współczesnych ludzi” powstała jako pojedyncza linia genetyczna w Afryce w ciągu ostatnich 200 000 lat, a nie w wyniku wielu oddzielnych zdarzeń ewolucyjnych w różnych częściach świata. Pojedyncza linia, która prowadziła wstecz aż do wspólnego przodka z neandertalczykami, była początkiem sześciu głównych klanów (lub gałęzi), które nawet teraz są bezsprzecznie afrykańskiego pochodzenia[45].

Drugą inspiracją użycia na okładce „Newsweeka” biblijnej alegorii był fakt, że to nowe podejście genetyczne korzystało z przekazywanego jedynie w linii żeńskiej mitochondrialnego DNA. Dziesięć lat później inny zespół genetyków zastosował tę nowo odkrytą metodę do zidentyfikowania jednej z dwunastu lub więcej

afrykańskich dziedzicznych gałęzi genetycznych, jedynej, z której wywodzi się reszta świata [46]. Innymi słowy, dla wszystkich afrykańskich linii żeńskich istnieje jedna wspólna pramatka, „mitochondrialna Ewa", której genetyczne córki zasiedliły resztę świata. Okazało się to niezwykłym odkryciem.

Określenia „Ewa" lub „Pierwsza Dama", tak rozpowszechnione owego czasu przez media, z punktu widzenia genetyków nie w pełni odpowiadają prawdzie. Za pomocą mitochondrialnego DNA zidentyfikowano bowiem żeńskie linie genetyczne jedynie niewielkiej części naszego genetycznego dziedzictwa. Mitochondrialna Ewa nie była pojedynczą „Pierwszą Damą", jak często wynika z przekazów medialnych. Śledzenie macierzyńskiego znacznika genetycznego aż do wspólnego typu przodka nie oznacza, że wszystkie nasze geny pochodzą od jednej kobiety. W każdym jądrze komórkowym mamy ponad 100 000 obszarów genetycznych (o technicznej nazwie *loci*), których przyporządkowanie do konkretnych miejsc tworzy mapę genetyczną. Dowolnego z tych obszarów można użyć jako markera systemowego do śledzenia wstecz linii genetycznej w poszukiwaniu wspólnego przodka[47]. Ponieważ te obszary w każdej generacji mieszają się z sąsiednimi, ich drzewa genetyczne nie zawsze prowadzą wstecz do tego samego przodka. W rzeczy samej genetyczne dziedzictwo współczesnych ludzi może pochodzić od dwóch do dziesięciu tysięcy Afrykanów żyjących około 190 000 lat temu.

Choć można mówić raczej o istnieniu równoległych „drzew genetycznych" niż o „drzewach ludzkich", co może wydawać się mniej romantyczne niż opowieść o Ewie, nie umniejsza to wyjątkowej efektywności takiego śledzenia genetycznego opowiadającego wielką historię ludzkich wędrówek w ciągu ostatnich 200 000 lat. Zdolność opowiedzenia tej samej historii na podstawie różnych genów potwierdza i wzbogaca historię. Na przykład męskie linie genetyczne bardziej niż kobiece ukazują raczej międzykontynentalne, ryzykowniejsze rozprzestrzenianie się, czego przykładem jest południowa Afryka. Udało się mianowicie potwierdzić, że grupy nazywające siebie zaginionymi plemionami

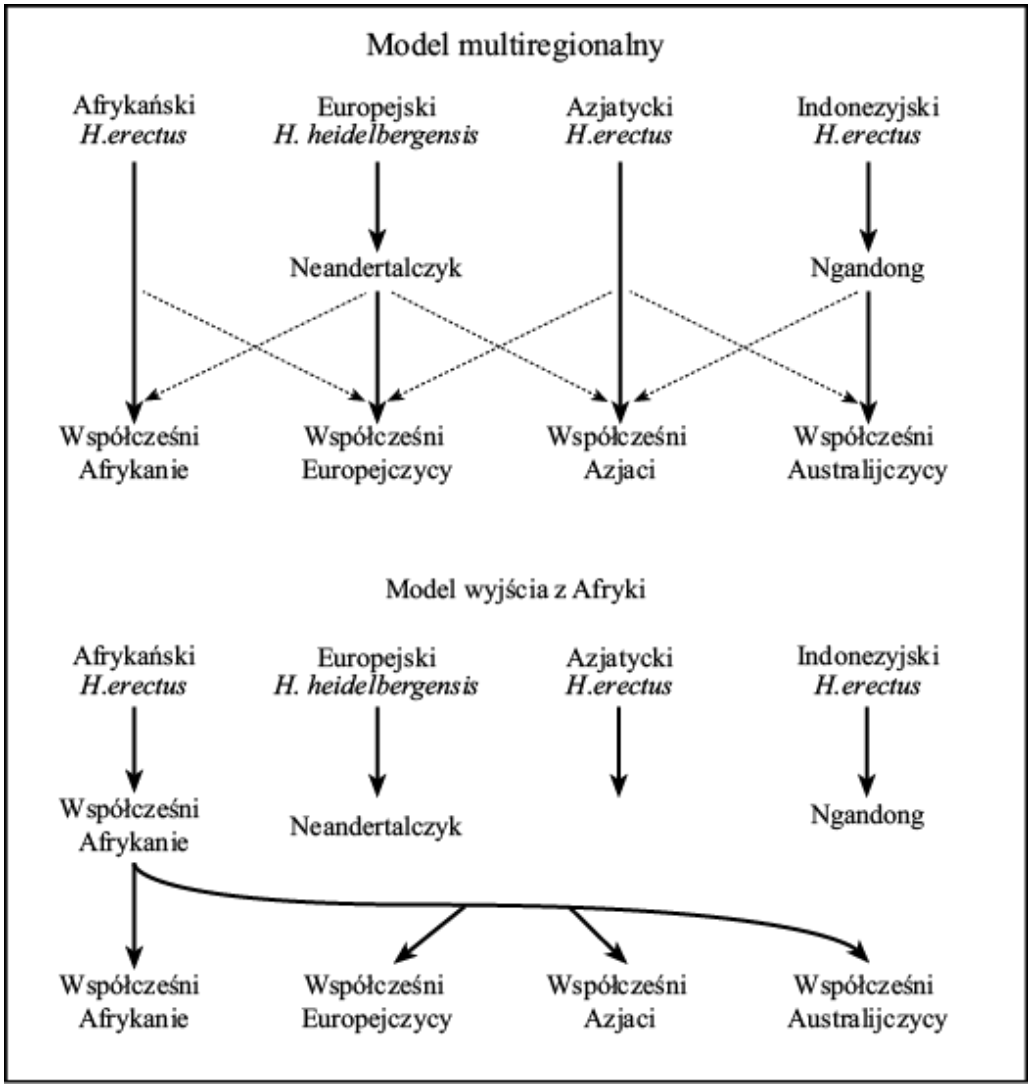
Izraela mają rzeczywiście żydowskich przodków, ale tylko w linii męskiej[48].

SPRZECIW MULTIREGIONALISTÓW I GENETYKÓW

Wyraźna i prosta ścieżka rozprzestrzeniania się rodzaju ludzkiego nakreślona za pomocą markerów mitochondrialnych wywołała sprzeciwy. Oczywiście multiregionaliści są innego zdania. Głównie paleoantropolodzy wciąż wierzą, że różne ludzkie „rasy" powstały w różnych częściach świata z przedwspółczesnych form takich jak „człowiek jawajski", „człowiek pekiński" czy neandertalczyk. Problem w tym, że pod wieloma względami współcześni ludzie z różnych części świata bardziej przypominają siebie nawzajem niż proponowanych przodków. Niektórzy multiregionaliści, aby poradzić sobie z tą obserwacją, argumentują, że różne „ludzkie gatunki" później się mieszały, wymieniając między sobą materiał genetyczny i formując złożoną współczesną rasę, którą dziś obserwujemy (rysunek 1.1).

Jednakże dowody genetyczne przeczą tak pięknemu interregionalnemu wymieszaniu. Rozkład geograficzny gałęzi i gałązek drzew mitochondrialnego DNA i chromosomu Y o afrykańskim pochodzeniu jest regionalnie bardzo specyficzny. Ostatni argument multiregionalistów, „kompromis wymieszania interregionalnego", próbowano dopasować do hipotezy wyjścia z Afryki, zasugerowano bowiem, że archaiczne, regionalne populacje ludzkie, takie jak neandertalczycy, czasem krzyżowały się z nadciągającymi, anatomicznie nowoczesnymi, podobnymi do nas ludźmi z Cro-Magnon. („Ludzie anatomicznie nowocześni" należą do gatunku *Homo sapiens* (*sensu stricto*). Kombinacja cech ich szkieletu odróżnia nas wszystkich i naszych bezpośrednich przodków w Afryce z ostatnich 200 000 lat od wymarłej wersji *Homo sapiens* (*sensu lato*), w tym pokrewnych *Homo helmei*. Główne cechy „anatomicznie nowoczesne" to wysoko sklepiona czaszka, wyrazisty podbródek, mniejsza twarz i szczęki oraz łuki brwiowe). Hipoteza

interregionalnego wymieszania starych mieszkańców z przybyszami jest w rzeczy samej kompromisem z teorią wyjścia z Afryki, uzasadniającym obecność w nowoczesnej puli genów niektórych zbędnych genów pochodzących od ludów archaicznych. Szkielet dziecka z Portugalii z krótkimi, krzepkimi kończynami, datowany na 24 500 lat temu – już po wymarciu neandertalczyków – stanowi dowód takiej hybrydyzacji. Mimo wszystko, pomimo zbadania mtDNA i chromosomów Y dziesiątków tysięcy nie-Afrykanów, nigdzie na natrafiono na ślad tego rodzaju wymieszania[49].



Rysunek 1.1. Porównanie modelu multiregionalnego z modelem wyjścia z Afryki. W modelu wyjścia z Afryki „anatomicznie nowocześni" Afrykanie całkowicie

zastąpili wszystkich dotychczas żyjących ludzi na świecie; według hipotezy multiregionalnej dziedzictwo genetyczne i fizyczne różnych regionalnych gatunków ludzkich jest nadal w różnym stopniu obecne.

Trzeba uczciwie przyznać, że to nie koniec historii. Choć żaden dowód nie wskazuje na taką domieszkę w liniach „Adama" i „Ewy", linie te zachowują jedynie drobny fragment naszej olbrzymiej genetycznej biblioteki DNA. Ponieważ raczej tylko jedna (a nie dwie) wersja mtDNA i chromosomu Y (NRY) jest przekazywana w każdej generacji, specyficzne neandertalskie linie mtDNA mogły w bardzo nielicznych przypadkach stać się domieszkami populacji Cro-Magnon i potem wymrzeć. Jednakże jakiś dowód zmieszania ras kryłby się w reszcie rozległego genomu jądrowego. Z powodu takich przesunięć i sklejeń jądrowego DNA w każdej generacji trudniej jest zbudować drzewo każdej z wielu licznych linii genetycznych, by być pewnym, jaka jego część pochodzi od człowieka nowoczesnego (rozumnego), a jaka od archaicznych osobników zamieszkujących dany region[50]. Mogło się więc zdarzyć, jak niektórzy twierdzą, że krzaczaste brwi pewnych międzynarodowych chuliganów ze stadionów rugby i piłki nożnej ostatecznie okażą się pozostałością neandertalską, a nie (co, jak sądzę, jest bardziej prawdopodobne) normalnym zróżnicowaniem ludzi rozumnych.

Innego zdania są tradycyjni genetycy populacyjni. Zaskoczyło ich i być może zdenerwowało, że mitochondrialny DNA dał tak jasny obraz, gdy ich własne metody genetyczne z użyciem setek tradycyjnych markerów genetycznych (przekazywanych w obu liniach, męskiej i żeńskiej) przez wiele lat ukazywały bardziej zamazany podział na Afrykę i resztę świata. Kilka czynników przyczyniało się do tego zamazania. Najważniejsze było charakterystyczne dla tradycjonalistów klasyczne, oparte na populacjach budowanie raczej drzew masowej migracji niż pojedynczych linii genetycznych. W rezultacie uparcie szli ścieżką szerokiej, aczkolwiek matematycznie uzasadnionej koncepcji „migracji ras", miast śledzić migracje poszczególnych linii genetycznych tych populacji. Innym ważnym czynnikiem było mieszanie i tasowanie jądrowych linii genetycznych w każdej

generacji – coś, co się nie zdarza z mtDNA lub NRY. Również większość markerów genetycznych przez nich używana miała proste drzewa z niewielką liczbą archaicznych gałęzi, gałązki były wspólne dla zbyt wielu populacji.

Z tych powodów tradycyjny sposób porównywania populacji z różnych regionów świata w przypadku oceny prastarych migracji przez pomiar częstości występowania genów jądrowych był obarczony fundamentalną skazą. James Wainscoat i jego koledzy z Oksfordu pokazali to w artykule opublikowanym w „Nature" w 1986 roku, w którym jądrowy dowód genetyczny oparli na pojedynczym jądrowym *locus* (czyli nie na genach Adama i Ewy) i uzyskali wyniki wspierające model wyjścia z Afryki. W tej publikacji, która ukazała się na rok przed spopularyzowaniem odkryć Rebeki Cann w artykule „Newsweeka", użyli próbek szczątków ludzkich pochodzących z całego świata, łącznie z moimi zebranymi w Nowej Gwinei w roku 1984. Zamiast porównywać częstość wielu genów, Wainscoat utworzył proste drzewo genealogiczne oparte na jednym genetycznym *locus*. Rezultaty w znacznej części pokrywały się z odkryciami Cann i sugerowały wyjście z Afryki. Inni genetycy zgłosili wiele technicznych zastrzeżeń dotyczących analizy genów „Ewy". Te zastrzeżenia zostały później jedno po drugim obalone[51].

Po dokonaniu ostatnich analiz z drugim niemieszającym się systemem, chromosomem Y, i badaniach wielu innych markerów genetycznych[52] oryginalny obraz wyjścia z Afryki sugerowany przez markery mitochondrialne wyszedł z prób zwycięsko i multiregionaliści stali się odizolowaną, aczkolwiek hałaśliwą mniejszością.

DWIE DROGI WYJŚCIA Z AFRYKI?

Ludzie, tak jak wszystkie ssaki naczelne, musieli w końcu opuścić Afrykę, ale terminarz i trasa tego procesu, jak zwykle, zostały wyznaczone przez przemiany klimatyczne. Istniały dwie potencjalne drogi wyjścia z Afryki – północna i południowa – a klimat decydował, która w danym czasie była otwarta. Ta, która była dostępna,

kierowała wędrowców dalej: na północ lub na wschód. Po raz pierwszy wielu ludzi rozumnych (*Homo sapiens*) opuściło Afrykę ponad 120 000 lat temu przez otwarte przejście północne. Jak zobaczymy, ten pierwszy wypad zakończył się nieszczęściem. Drugi okazał się udanym przedsięwzięciem i zawiódł ich do południowej i wschodniej Azji drogą dobrze przetartą przez poprzedników. Europa pozostała na uboczu, ignorowana przez mniej więcej 70 000 lat.

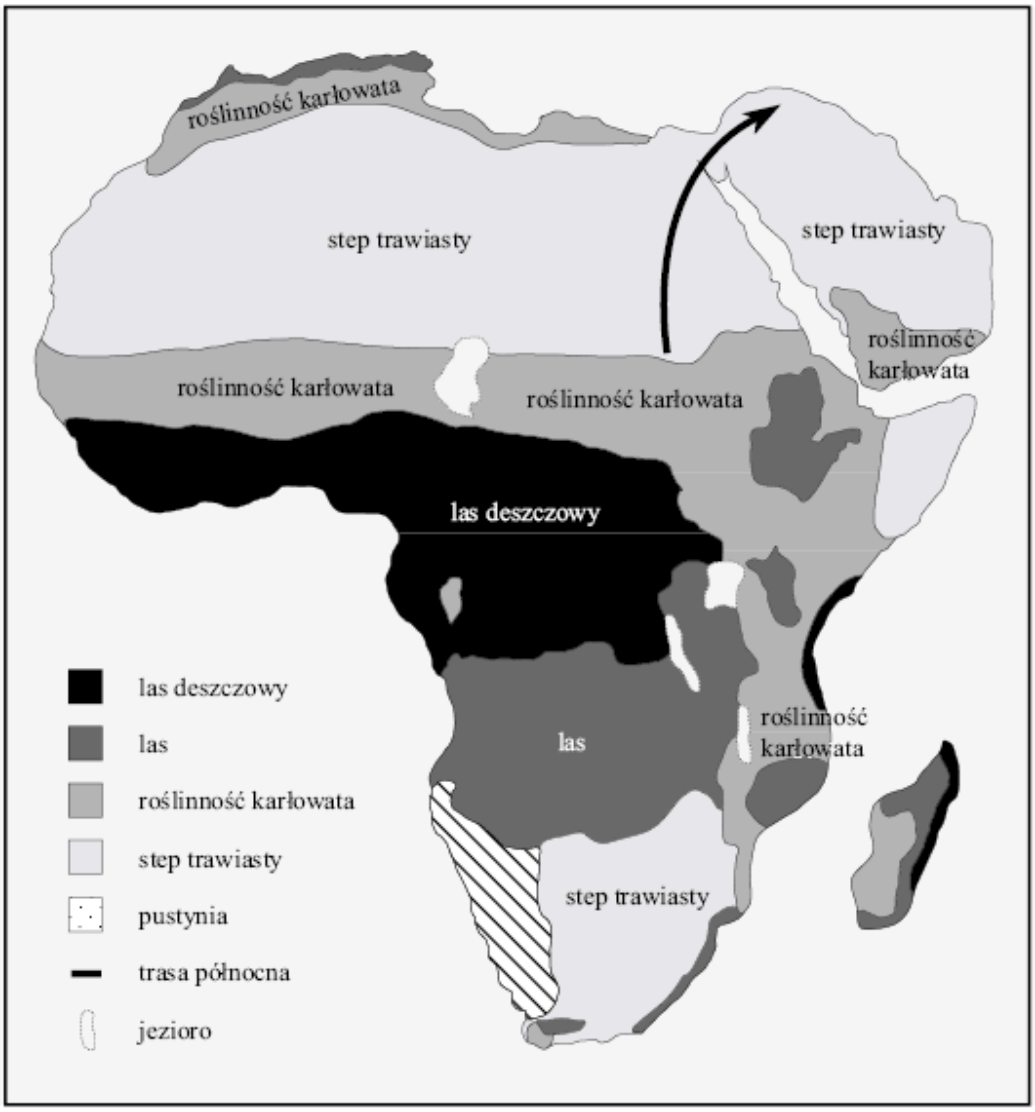
Afryka była miejscem narodzin wszystkich ludzkich gatunków, jakie kiedykolwiek stąpały po naszej planecie. Rozległe i izolowane naturalne laboratorium uformowało ludzi w nieskończonych następujących po sobie cyklach pustynnienia i rozwoju roślinności. Warunki takie stwarzał unikatowy patchwork sawanny i lasów subsaharyjskiej Afryki skutecznie odseparowanej od reszty świata dwoma układami środowiskowych bram i korytarzy. Przez kilka ostatnich milionów lat owe korytarze działały jak wielkie zagrody dla zwierząt z kilkoma bramami, na zmianę otwieranymi i zamykanymi. Gdy jeden zestaw bram się otwierał, inny zwykle pozostawał zamknięty. Jedna brama prowadziła na północ przez Saharę do Lewantu i Europy, druga zaś na wschód przez wejście na Morze Czerwone do Jemenu, Omanu i Indii. Otwieranie tych bram zależało od cyklów lodowcowych, które w ten sposób decydowały, czy ssaki, w tym ludzie, migrowały z Afryki na północ do Europy, czy na wschód do Azji[53].

Dzisiaj Afryka jest fizycznie połączona z kontynentem eurazjatyckim tylko jednym z tych korytarzy przez półwysep Synaj na północy. Potencjalną trasę przez Saharę i Synaj zamykała zwykle bezlitośnie sucha pustynia, która niczym Gwiezdne Wrota z filmu science fiction otwierała przejście jedynie wtedy, gdy zmiany orbity ziemskiej i pochylenia osi Ziemi powodowały krótki okres ocieplenia. Ten przelotny okres geologiczny zdarza się mniej więcej tylko raz na każde 100 000 lat, gdy promienie słoneczne powodują topienie lodów polarnych i w efekcie globalne ocieplenie i zwilgotnienie klimatu. W okresie tej krótkiej geologicznej wiosny Sahara, Synaj i pustynie Australii pokrywają się jeziorami i zielenią (rysunek 1.2). Ponieważ jednak te ocieplenia trwają krótko, północnoafrykańska,

zależna od pogody brama może stać się śmiertelną pułapką dla migrujących.

Przez większość ostatnich dwóch milionów lat ludzie drżeli w uścisku lodowej epoki plejstocenu, a więc krótki okres ocieplenia powierzchni naszej planety, który otworzył wrota raju, jest znany geologom jako optimum interglacjału. Ten krótki okres bujnej zieloności stanowi kontrast z suchością i zimnem plejstocenu. My ludzie rozumni mieliśmy tylko dwa takie rajskie przebłyski w okresie naszej bytności na Ziemi. Ostatnie optimum interglacjału zdarzyło się ponad 8000 lat temu i mamy szczęście wygrzewać się nadal w cieple jego jesieni. Przed kilkoma tysiącami lat Sahara pozostawała zapewne krainą zielonych traw, a wszelkie rodzaje zwierzyny łownej wędrowały przez Afrykę Północną do Lewantu. Jak na ironię, dzisiejsze globalne ocieplenie powodowane zanieczyszczeniami środowiska pomaga odwlec nieuchronny nawrót zimna, suszy i bardziej niestabilnych warunków charakterystycznych przez większość czasu dla Europy.

Zwykle do dowodów takich prehistorycznych dramatów naukowcy muszą się dogrzebywać, kopiąc w ziemi, wiercąc w lodowych czapach i dnie morskim. Jednak w tym przypadku nie potrzebujemy obfitego zapisu zmian archeologicznych i klimatycznych ujawniającego prawdę. Możemy sami obejrzeć wspaniałe malowidła na urwiskach skalnych centralnego regionu Sahary – tysiące naturalistycznych obrazów wymarłych bawołów, słoni, nosorożców, hipopotamów i żyraf, strusi i wielkich antylop namalowanych tam 8000 lat temu, kolorowy zapis historyczny ciągnący się nieprzerwanie aż do naszych czasów. Późniejsze malowidła pokazują, że saharyjska zwierzyna zniknęła przed 5000 lat, a jej miejsce zajęły wielbłądy.



Rysunek 1.2. Trasa północna wyjścia z Afryki. Mapa pokazuje roślinność w okresie międzylodowcowym 125 000 i 7000–8000 lat temu. W tym czasie przez Saharę ciągnęły się stepy pozwalające ludziom postępować za zwierzyną do Afryki Północnej i dalej do Lewantu. Dla uproszczenia nie odróżniono roślinności karłowatej od sawanny ani półpustyni od pustyni.

Okres, gdy afrykańska zwierzyna napływała do Maroka, Egiptu i Lewantu, był w znacznej mierze podobny do rzadkich ulew, które trafiają się na pustyniach, ożywiając długo uśpione nasiona przepięknych kwiatów. Trwanie tego raju obfitości było krótkie; zwierzyna wycofała się i powróciła pustynia. Wielkie ssaki nie mają nasion, które pozwoliłyby im ukryć się głęboko w piaskach. Nawet

żaby pustynne i ryby dwudyszne mogą jedynie na krótki czas pokryć się kokonem w oczekiwaniu na następną ulewę. A więc również podczas poprzedniej epoki międzylodowcowej, pierwszej w okresie naszej bytności na Ziemi, odważni pionierzy ruszyli na północ Afryki i dotarli do Lewantu, nim wrota Sahary powoli zatrzasnęły się za nimi.

Wcześniejsze okresy międzylodowcowe znane naukowcom jako eemski i ipswiczański zdarzyły się 125 000 lat temu, wkrótce po narodzinach ludzkiej rodziny. Wiemy, że ludzie rozumni przewędrowali z rejonu subsaharyjskiego do Afryki Północnej i Lewantu w bardzo wczesnym okresie, o czym świadczą znaleziska ich kości w tych rejonach. Najstarsze szczątki ludzi rozumnych poza Afryką – datowane na okres od 90 000 do 120 000 lat temu – zostały znalezione w Lewancie[54]. Ważnym pytaniem jest, czy pozostawili tam trwały ślad. Wydaje się, że im się to nie udało.

Z AFRYKI DO EUROPY: PIERWSZY NIEUDANY EXODUS

Aż do potwierdzenia tych bardzo wczesnych dat obóz naukowy zwolenników wyjścia z Afryki uważał, że wczesny exodus ludzi rozumnych z Afryki do Lewantu utworzył jądro, z którego pochodzi większość Europejczyków i Azjatów, lecz ta teoria miała liczne wady. Wczesna wędrówka ludzi rozumnych zamarła w Lewancie około 90 000 lat temu. Ze śladów klimatycznych możemy odczytać, że 90 000 lat temu nastąpiło krótkie, ale bardzo wyniszczające oziębienie i wysuszenie, które obróciło Lewant w całkowitą pustynię. Po okresie zmrożenia bezludny Lewant został ponownie zasiedlony, ale tym razem przez innych – starszych mieszkańców, naszych pierwszych kuzynów, neandertalczyków – którzy zostali zapewne zmuszeni do wędrówki na południe nad Morze Śródziemne przez lodowce nadpełzające z północy. Żadne fizyczne dowody nie potwierdzają obecności ludzi rozumnych w Lewancie ani w Europie w ciągu następnych 45 000 lat aż do pojawienia się ludzi z Cro-Magnon, którzy (jak wskazuje istnienie technologii oryniackiej)

45 000–50 000 lat temu stawili czoło neandertalczykom na terenach północnych[55].

Większość autorytetów już uznała, że pierwsi ludzie rozumni, jacy opuścili Afrykę, musieli wymrzeć w Lewancie w okresie nawrotu suszy i lodowców, co ponownie obróciło Afrykę Północną i Lewant w zupełne bezludzie. Zamknięci przez Saharę w pułapce północnego korytarza, nie mieli drogi odwrotu i bardzo niewiele miejsc zdolnych przyjąć uchodźców. Licząca 50 000 lat przerwa od czasu zniknięcia pierwszych Lewantyńczyków po okres następnej inwazji na Europę budzi poważne wątpliwości wobec przeważającej teorii, że Europejczycy wywodzą się z pierwszego północnego exodusu afrykańskiego[56]. Zobaczymy dlaczego.

Aby łatwiej zrozumieć, dlaczego wiele europejskich autorytetów archeologicznych i antropologicznych twierdzi, że Europejczycy poczęli się wyłącznie z północnego afrykańskiego exodusu, musimy przyznać, iż w tym wyjaśnieniu tkwi wpływ europocentrycznego widzenia kultury. Najważniejsze jest uporczywie podtrzymywane dwudziestowieczne europejskie przekonanie, że ludzie z Cro-Magnon, którzy przywędrowali do Europy nie wcześniej niż przed 50 000 lat, dali początek naszemu gatunkowi ludzi rozumnych w pełnym intelektualnym sensie. Niezwykły rozkwit sztuki, kultury i umiejętności wytwórczych jest znany archeologom pod nazwą górnego europejskiego paleolitu. Dla wielu z nich była to twórcza eksplozja głosząca nasze nadejście jako świadomego gatunku. Wspaniałe malowidła skalne w Chauvet i Lascaux oraz zmysłowe, świetnie wyrzeźbione figurki Wenus znajdowane w całej Europie są datowane na okres tej kultury.

Argumentacja wygląda mniej więcej następująco: jeżeli ostatecznie opuściliśmy Afrykę i ta pradawna artystyczna rewolucja przemawiająca do nas tak sugestywnie przez abstrakcyjne malowidła nadeszła z Lewantu, to przecież stamtąd zaledwie krok do Egiptu. *Ergo*, my wszyscy „z Zachodu” (skąd według zwolenników tej opinii pochodzą wszyscy Europejczycy) musimy pochodzić z Afryki Północnej. Dlatego trasa północna jest dla wielu ekspertów pojęciowym punktem startowym migracji z Afryki. W następnym

rozdziale pokażemy, że jest logicznie niemożliwe, aby Europejczycy byli pierwszymi rozumnymi ludźmi i dlaczego Afrykanie byli w pełni rozumnymi, śpiewającymi, tańczącymi i tworzącymi malowidła ludźmi na długo przed opuszczeniem swego kontynentu.

Jednakże prawdziwym problemem jest wytłumaczenie, w jaki sposób subsaharyjscy przodkowie Europejczyków mogli przewędrować w tym czasie przez Afrykę Północną. Ponieważ przez ostatnich 100 000 lat Sahara była niedostępna, każda późniejsza północnoafrykańska inwazja na Europę mogła pochodzić jedynie z zielonego azylu na przykład w delcie Nilu, pozostałego w Afryce Północnej po ostatnim okresie międzylodowcowym sprzed 100 000 lat. Europejczycy nie mogli 45 000–50 000 lat temu nadejść wprost z Afryki subsaharyjskiej, chyba że przepłynęliby Nilem na pniach, czemu przeczą badania genetyczne.

ZIELONY AZYL W EGIPCIE?

Gdyby podczas długiej pory suchej po ostatnim okresie międzylodowcowym istniał taki zielony azyl w Afryce Północnej, mógłby być domem europejskich przodków przez przynajmniej 45 000 lat. Potencjalnie takie miejsca to delta Nilu i śródziemnomorskie wybrzeże Maroka. Znaleziony ostatnio szkielet dziecka pochowanego na wzgórzu Taramsa w Egipcie datowany na okres od 50 000 do 80 000 lat temu sugeruje, że mogła tam przeżyć resztka populacji. Kilku liczącym się zwolennikom teorii wyjścia z Afryki ta koncepcja wydaje się atrakcyjna, gdyż daje możliwość wypełnienia luki 45 000–50 000 lat. Najważniejszym z nich jest główny zwolennik teorii wyjścia z Afryki, Chris Stringer z Muzeum Historii Naturalnej w Londynie. Uważa, że egipskie dziecko ze wzgórza Taramsa należało do północnoafrykańskiej kolonii w zielonym azylu, a przodkowie Europejczyków i Lewantyńczyków wywędrowali z takich kolonii 50 000 lat temu[57].

Jednak brakuje innych archeologicznych dowodów istnienia w Afryce Północnej przodków ludzi z Cro-Magnon. Nawet to jedno

jedyne dziecko pochowane na wzgórzu Taramsa w Egipcie zostało znalezione z kamiennymi narzędziami, które równie dobrze mogły być wykonane przez neandertalczyków i w najmniejszym stopniu nie zapowiadają nowej technologii, jaka wkrótce miała eksplodować w Europie.

PROBLEM AUSTRALIJSKI

Jednakże największy problem dla europocentrycznego widzenia kultury związanego z trasą północnego wyjścia z Afryki stanowią Australijczycy, którzy rozwinęli własne śpiewy, tańce i kulturę malowania na długo przedtem, bez żadnej pomocy Europejczyków. Z jakiej części Afryki pochodzili? Jaką drogę przeszli?

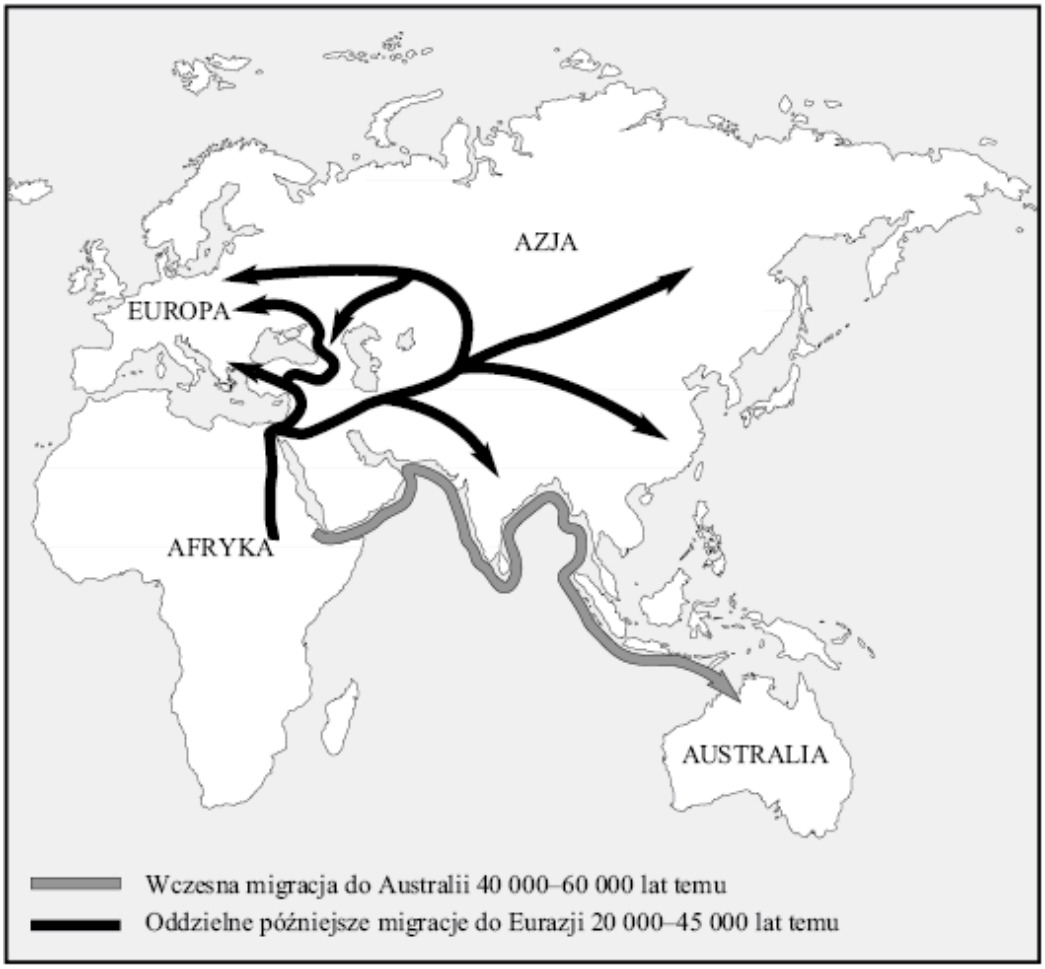
Gdzie oddzielili się od tego samego strumienia, który dał początek Europejczykom? I przede wszystkim w jaki sposób dotarli do Australii o wiele wcześniej niż Europejczycy do Europy? Pytania te wywołały lawinę prób wyjaśnień.

Oczywiście na żadne z tych pytań nie daje łatwej odpowiedzi pojedynczy północny exodus do Europy sprzed 45 000 lat, po którym Europejczycy – jak w klasycznej pracy *The Human Career* (*Kariera człowieka*) twierdzi chicagowski antropolog Richard G. Klein – rozprzestrzenili się po całym świecie. Daty są zbyt późne dla znalezisk z Australii, nie pasują więc do tej teorii. Zoolog, ekspert od spraw afrykańskich, artysta i pisarz Jonathan Kingdon poszedł nawet dalej twierdząc, że już pierwszy „nieudany" północny exodus do Lewantu, który nastąpił 120 000 lat temu, doprowadził do rozprzestrzenienia się ludzi z Lewantu i skolonizowania południowo-wschodniej Azji, a potem Australii 90 000 lat temu. To rozwiązanie uznaje tylko jeden wczesny exodus z Afryki trasą północną. Chris Stringer przyjął najprostsze wyjście, proponując, że Australia została skolonizowana niezależnie na długo przed Europą w wyniku niezależnego exodusu wokół Morza Czerwonego (rysunek 1.3)[58].

Zespół z Cambridge złożony z archeologa Roberta Foleya i paleontolożki Marty Lahr podobnie jak Chris Stringer twierdzi, że północnoafrykańscy mieszkańcy zielonego azylu rozprzestrzenili się północnym szlakiem przez Lewant i w efekcie stali się Lewantyńczykami i Europejczykami. Badacze nie mają żadnego problemu z liczbą wyruszeń z Afryki, postulując liczne wyjścia z azylów rozsianych w Etiopii i Afryce Północnej. To spojrzenie uwzględnia międzylodowcowe ekspansje w Afryce 125 000 lat temu. Lahr i Foley twierdzą, że powrót warunków okresu suszy i lodu spowodował rozszczepienie kontynentu afrykańskiego na izolowane obszary kolonii ludzkich, niczym zielone wyspy (rysunek 1.6), które pozostały oddzielone pustynią przez najbliższych 50 000 lat. Według ich schematu przodkowie dzisiejszych wschodnich Azjatów i Australijczyków mogli w każdej chwili wyrwać się z Etiopii i ruszyć na wschód przez Morze Czerwone. Mogli więc przebyć szlak południowy niezależnie od przodków Europejczyków. Foley i Lahr połączyli ostatnio siły z amerykańskim ekspertem od chromosomu Y i rozwinęli swoją teorię o krok dalej, przechodząc do nowej syntezy genetyczno-prehistorycznej. Objęli nią wczesny exodus do Australii trasą południową oraz późniejsze główne północne wyjście z Afryki przez Suez i Lewant do Europy i reszty Azji (rysunek 1.3) między 30 000 a 45 000 lat temu[59].

Tezy wielu ekspertów, że Europejczycy wyszli z Afryki Północnej, zdają się więc zależne od wielu wyjaśnień. Zaliczamy do nich północnoafrykańskie azyle i albo wielokrotne migracje z Afryki, albo wczesną migrację z Lewantu na Daleki Wschód. Wszystkie te interpretacje stwarzają problemy, gdyż badacze usiłują wciąż zachować świętą północną trasę Europejczyków. Przyjmując rozwiązanie najprostsze, Jonathan Kingdon zaproponował jedno pojedyncze, wczesne wyjście z Afryki w czasie eemskiego okresu międzylodowcowego 120 000 lat temu[60]. Ponieważ w tym czasie wiele pustynnych przejść w Afryce i w Azji Zachodniej było pokrytych zielenią, migrujący do Australii mogli przejść szybko wprost z Lewantu do Indii. Mogli odpocząć w zielonych częściach Azji Południowej przed przejściem do południowo-wschodniej Azji, po

czym przybyć do Australii 90 000 lat temu i ją skolonizować (przez pojęcie Azja Południowa rozumiem kraje od Adenu po Bangladesz z wybrzeżem otwartym na Ocean Indyjski. Należą do nich Jemen, Oman, Pakistan, Indie, Sri Lanka i Bangladesz oraz wysunięte najdalej na południe części krajów graniczących z Zatoką Arabską: Arabii Saudyjskiej, Iraku, Bejrutu, Zjednoczonych Emiratów Arabskich i Iranu).



Rysunek 1.3. Hipoteza wielokrotnego exodusu. Najnowsze syntezy wyjścia z Afryki opisują przynajmniej jedno północne wyjście do Europy i dalej do Azji w ciągu ostatnich 50 000 lat, uznając możliwość wcześniejszego przejścia trasą południową do Australii.

Jako dowód istnienia prastarych umiejętności ludzkich na wschód od Lewantu Jonathan Kingdon wskazuje mnogość znajdowanych w Indiach kamiennych narzędzi z okresu paleolitu środkowego od 163 000 lat temu. Problemem jest brak szkieletów potwierdzających obecność ludzi rozumnych w tym prehistorycznym okresie gdziekolwiek poza Afryką. Kingdon przyznaje, że te narzędzia mogli wykonać późni ludzie przedrozumni lub archaiczni (nazywa ich Mapas), którzy właśnie wtedy zamieszkiwali wschodnią Azję.

Australijczycy, aby dotrzeć do Australii, musieli przejść przez Azję, ale to logiczne wnioskowanie nie zostało dotychczas potwierdzone. Nie ma dowodów, że anatomicznie współcześni ludzie migrowali przez Azję 90 000 lat temu, nie wspominając już o okresie od 120 000 do 163 000 lat temu.

WSCHODNIE BARIERY

Z wyznaczonym przez Kingdona okresem migracji do południowo-wschodniej Azji mamy jeszcze jeden problem. Jeżeli fala ta opuściła Lewant choć trochę później niż 115 000 lat temu, najprawdopodobniej wyginęła. Analiza wędrówek ludzi i innych ssaków z Afryki do Azji w ciągu ostatnich czterech milionów lat sugeruje, że z wyjątkiem okresów międzylodowcowych na drodze z Lewantu do reszty Azji wyrastało wiele przeszkód. Jeżeli świat nie wygrzewa się w wilgotnym cieple okresów międzylodowcowych, potężne górskie i pustynne bariery zagradzają drogę z Lewantu na północ, wschód i południe – na północy i wschodzie wielki łańcuch górski Zagros-Taurus, który wraz z pustyniami Syryjską i Arabską odcina Lewant od wschodniej Europy na północy i od subkontynentu indyjskiego na południu[61]. W warunkach okresu lodowcowego jest to obszar niemożliwych do przebycia górskich pustaci. Morze Kaspijskie i Kaukaz sprawiają zaś, że nie można go łatwo obejść inną drogą.

Tak jak w czasach Marco Polo alternatywna trasa lądowa ze wschodniej części basenu Morza Śródziemnego do południowo-wschodniej Azji to jak najszybsze dotarcie do Oceanu Indyjskiego

i wędrowanie dalej wzdłuż wybrzeża. Jednak na południe i wschód od Lewantu leżą pustynie arabskie i możliwa jest jedynie wędrówka okrężna z Turcji doliną Tygrysu i dalej wzdłuż zachodniej granicy Zagrosu do Zatoki Perskiej (rysunek 1.6). Ale ta droga przez Żyzny Półksiężyc – poza okresami międzylodowcowymi – była również skrajnie pustynna, a więc zamknięta.

Ta praktyczna niemożliwość dostania się ludzi rozumnych z Lewantu lub Egiptu do południowo-wschodniej Azji w okresie między 55 000 i 90 000 lat temu oznacza, że północny exodus z Afryki mógł zasilić jedynie plemiona Europejczyków i Lewantyńczyków, ale nie południowowschodnich Azjatów ani Australijczyków. A więc Europa i Lewant nie zostały skolonizowane aż do okresu od 45 000 do 50 000 lat temu, natomiast w Australii po drugiej stronie świata nastąpiło to o wiele wcześniej. To z kolei oznacza, że chcąc zachować dla Europejczyków trasę północną, Chris Stringer, Bob Foley i Marta Lahr musieli zaproponować oddzielne trasy południowe dla Australijczyków, a nawet Azjatów. Ten węzeł został rozwiązany dzięki genetyce.

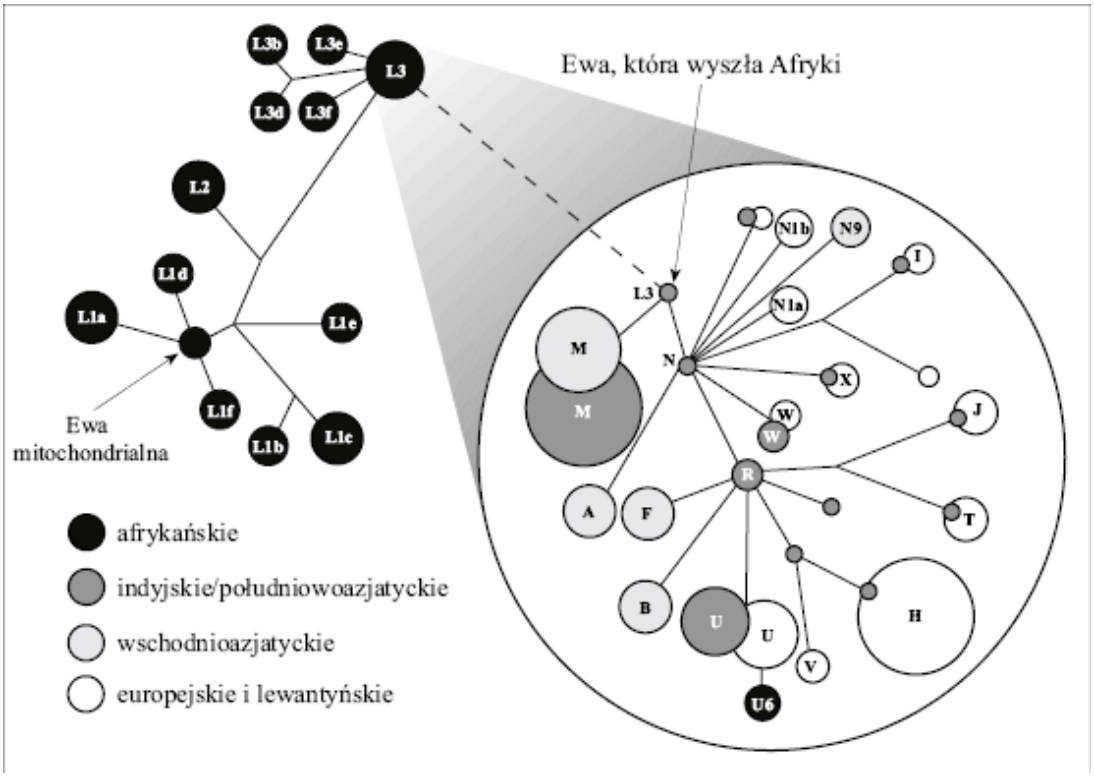
CO GENY MÓWIĄ O TRASIE PÓŁNOCNEJ

Wszystkie tego rodzaju spekulacje musiały niegdyś opierać się na znaleziskach archeologicznych składających się z niewielu niedokładnie datowanych kości ze znacznie oddalonych od siebie okresów. Rewolucji dokonały prace na temat genetycznego szlaku Europejczyków publikowane od początku stulecia przez takich genetyków jak Martin Richards, Vincent Macaulay i Hans-Jurgen Bandelt, które pozwoliły o wiele dokładniej ocenić czas i miejsce pierwszego wyjścia z Afryki[62]. Wykonały dwa zadania. Po pierwsze, potwierdziły, że ekspedycja do Lewantu sprzed 100 000 lat wyginęła bez śladu, a więc pierwszy exodus ludzi rozumnych, podobnie jak neandertalczycy, którzy wymarli 60 000 lat później, nie pozostawił żadnych identyfikowalnych śladów genetycznych w Lewancie. Po drugie, choć subsaharyjscy Afrykanie w późniejszym okresie

odcisnęli genetyczny znak, dotąd żywy w jednej ósmej współczesnych społeczeństw berberyjskich, nie pozostawili żadnych znaków genetycznych świadczących o pochodzeniu Europejczyków lub Lewantyńczyków w prostej linii z Afryki Południowej.

Skąd to wiem? Konstrukcja precyzyjnego drzewa genetycznego za pomocą mitochondrialnego DNA pozwala na znacznie więcej niż tylko identyfikację naszych wspólnych przodków. Rysunek 1.4 pokazuje nasze drzewo mitochondrialne, rozpoczynające się od korzeni wielu klanów afrykańskich i wypuszczające pojedynczą gałąź (L3) na zewnątrz do Azji Południowej (Indie). L3 stała się azjatycką Ewą, która wyszła z Afryki i wkrótce rozgałęziła się wielokrotnie, aby zaludnić Arabię i Indie, a potem Europę i Azję Wschodnią. Potrafimy datować gałęzie tego drzewa i, patrząc na jego geograficzny rozkład, pokazać, kiedy i gdzie wyrośli biorący udział w poszczególnych prehistorycznych migracjach. Co ważniejsze, jest to metoda, która posłużyła do udowodnienia hipotezy wyjścia z Afryki.

Stosując to podejście, możemy zobaczyć, że najstarsza europejska gałąź oznaczona jako U (licząca 50 000 lat i pokazana na rysunku 1.4), którą nazwałem Europą od imienia kochanki Zeusa, wyrasta gdzieś obok Indii z gałęzi R, nazwanej indyjskim imieniem Rohani. R z kolei wyrasta z gałęzi N, nazwanej przeze mnie Nasreen, która wyrasta z afrykańskiej gałęzi L3. Gdyby Europejczycy powstali 45 000 lat temu i wywodzili się z północnoafrykańskich grup tubylczych takich jak Berberowie, spodziewalibyśmy się znaleźć najstarsze północnoafrykańskie linie genetyczne prowadzące wprost z miejsca narodzenia lub bazy gałęzi L3[63].



Rysunek 1.4. Pojedyncza ekspansja z Afryki. Uproszczona sieć grup mtDNA pokazująca, że tylko jeden z trzynastu afrykańskich klanów daje początek wszystkim nie-Afrykanom. Grupa N (Nasreen) jest rozwinięta, aby podkreślić jej zachodnioeuropejskie konsekwencje, M (Manju) zaś nie ma tu swej reprezentacji; zaznaczono tylko jej silną obecność w Indiach. (Szczegóły i datowanie gałęzi drzewa – zob. Dodatek 1).

Zamiast tego, gdy przyglądamy się północnym Afrykanom, a szczególnie Berberom, którzy zdają się tam pierwotną ludnością, widzimy coś przeciwnego. Linie północnoafrykańskie są albo o wiele późniejszą imigracją, albo są bardzo oddalone od korzenia L3. Przede wszystkim w Afryce Północnej nie ma żadnych śladów Nasreen i Rohani, najwcześniejszych rozgałęzień L3, która wyszła z Afryki. Jak pokazuje rysunek, znajdujemy je natomiast w Azji Południowej. Widzimy, że Afryka Północna została rzeczywiście zasiedlona głównie przez ostatnie, skierowane na południe migracje typowych europejskich i lewantyńskich linii genetycznych. Przybycie z Lewantu najstarszej tubylczej, północnoafrykańskiej linii mtDNA, czasami nazywanej motywem berberyjskim, jest datowane na około

30 000 lat temu i jest to pojedyncza gałązka (U6 na rysunku) wyrastająca z klanu zachodnioeurazjatyckiej Europy (zachodnia Eurazja to Europa i Środkowy Wschód). U6 wykazuje silne cechy pochodzenia raczej z Lewantu niż innych rejonów. Około jednej ósmej żeńskich linii genetycznych w Afryce Północnej pochodzi z najnowszych migracji z Afryki subsaharyjskiej, a ponad połowa z ostatnich migracji na południe z Europy. W końcu ostatnia córka klanu Ewy, która wyszła z Afryki, azjatycka supergrupa M znajdowana w Indiach, jest całkowicie nieobecna w Europie, Lewancie i Afryce Północnej. Czyni to skrajnie nieprawdopodobnym proponowane w schemacie Jonathana Kingdona[64] północnoafrykańskie pochodzenie Azjatów.

Wszystko to pokazuje Europę i Afrykę Północną jako rejony przyjmujące starożytne migracje z terenów położonych dalej na wschód. Innymi słowy, nie ma żadnych dowodów pierwszego północnego exodusu z Afryki subsaharyjskiej do Afryki Północnej, a raczej odwrotnie. Wkrótce zobaczymy, skąd się wzięły na Wschodzie gałęzie „Nasreen", „Rohani" i „Europa".

TYLKO JEDNO WYJŚCIE

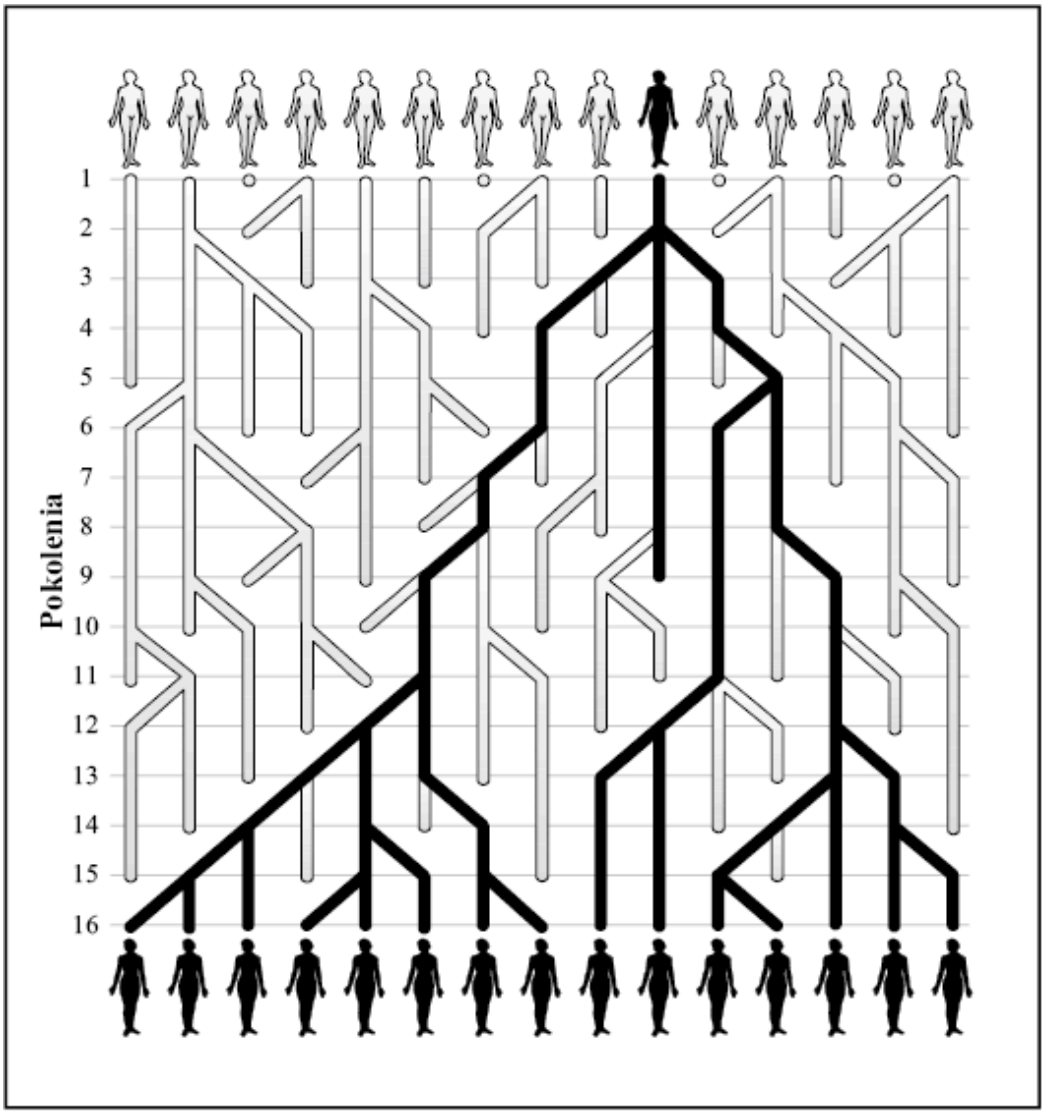
Najsilniejszy dowód przeciw uznaniu trasy północnej za pierwotny szlak Europejczyków lub jakichkolwiek ludzi rozumnych pochodzi znów ze struktury żeńskiego drzewa genetycznego całego świata. Jak widać na rysunku 1.4, tylko jedna malutka gałązka (Ewa, która wyszła z Afryki) wyrastająca z pojedynczej gałęzi, jedynej wśród sześciu znanych afrykańskich klanów żeńskich, przeżyła opuszczenie kontynentu, aby skolonizować resztę świata. Z tej małej grupy wyrosły wszystkie populacje ludzkie spoza Afryki. Oczywiście, jeżeli był tylko jeden exodus, wykorzystano tylko jeden z dwóch dostępnych szlaków wyjścia z Afryki. Nie sposób przecenić ważności prostego pojedynczego faktu, że tylko jedna afrykańska linia stanowi o wszystkich nie-Afrykanach.

W każdym wyjściu z Afryki powinna znajdować się mieszanina „Ew" dających różne linie genetyczne. To samo odnosi się do każdej przypadkowej grupy ludzi. Jednak tylko jedna z tych linii genetycznych przetrwała. To zdarzenie wskazuje, ile wypadów z Afryki skończyło się powodzeniem. Powiedzmy, że w danej grupie Afrykę opuściło piętnaście różnych genetycznie typów lub linii mtDNA (mniej więcej tak jak na rysunku 1.5). To realistyczna liczba; nawet dzisiaj mamy piętnaście afrykańskich linii żeńskich starszych niż 80 000 lat (zob. Dodatek 1). Możemy na to spojrzeć jak na piętnaście różnych rodzajów marmurowych kamyczków. Z tych piętnastu linii tylko jedna linia mitochondrialna miała po wielu generacjach stać się Ewą, która wyszła z Afryki, czyli wspólną „pramatką w linii żeńskiej" całej reszty świata. Innymi słowy, mógł przetrwać tylko jeden kawałek marmuru. Ta przypadkowa selekcja i proces wymierania są nazywane dryfem genetycznym, ponieważ oryginalna mieszanina linii „dryfuje" w stronę jednego typu genetycznego.

Mechanizm dryfu jest prosty. Od czasu do czasu linia jakiejś matki wymiera z powodu braku córek zapewniających reprodukcję. To wymieranie linii genetycznych jest pokazane na rysunku 1.5. W małej izolowanej populacji kończy się ono ostatecznie przeżyciem tylko jednej linii przodków. W niewielkich grupach efekty dryfu są bardzo silne. Powszechnym, współczesnym przykładem dryfu w linii męskiej jest pozostawanie tylko jednego nazwiska w małych izolowanych wioskach alpejskich i walijskich, gdzie na szyldach wszystkich sklepów widzimy na przykład tylko Schmidta lub Evansa.

Jeżeli teraz rozważymy dwie grupy wychodzące z Afryki i izolujemy je w różnych regionach (dwa kawałki marmuru w naszej analogii), to każda będzie dryfować do jednej linii genetycznej. Ponieważ dryf jest wynikiem przypadkowego wymierania, obie grupy zwykle nie będą dryfować do tych samych linii (szanse na to są jak 1 do 15, jeżeli na starcie każdy typ jest reprezentowany przez taką samą liczbę osobników). Zatem dwie różne grupy wychodzące z różnych części Afryki (zob. niżej: trasa północna i południowa) w różnych okresach oddzielonych dziesiątkami tysięcy lat powinny być do siebie całkiem niepodobne i reprezentować całkowicie odmienny wybór

afrykańskich linii genetycznych. Będzie więc jeszcze mniej prawdopodobne, aby te dwie grupy dryfowały do tej samej linii.



Rysunek 1.5. Dryf genetyczny. Diagram pokazuje, jak przez pokolenia w małych izolowanych populacjach o stałej wielkości (np. liczących od stu do czterystu osobników) w wyniku naturalnego dążenia do reprodukcyjnego sukcesu występuje tendencja redukowania różnorodności – więc z wielu odmian mtDNA pozostaje jedynie kilka lub tylko jedna (wyróżniona na czarno). Jak widać, cofając się o szesnaście generacji, trafiamy do tej samej matki całego rodu.

Nie wymaga rozległej wiedzy statystycznej zauważenie, że szanse, by dwie tak niezależne, niewielkie grupy, migrujące z Afryki

w różnym czasie i w różnych kierunkach, przypadkowo zdryfowały do tej samej żeńskiej linii genetycznej, są znikomo małe. Gdyby były dwie migracje, nie-Afrykanie wywodziliby się na pewno od dwóch Ew. Innymi słowy, geny potwierdzają, że skoro tylko jedna mitochondrialna linia genetyczna przetrwała poza Afryką, to tylko jedna grupa opuściła Afrykę, by zasiedlić resztę świata. Ta sama mała grupa w końcu dała początek Australijczykom, Chińczykom, Europejczykom, Hindusom i Polinezyjczykom. Ich geny wyszły z Afryki w jednym miejscu i czasie.

Ten jednostkowy argument prowadzi do logicznego wniosku, że skoro trasa północna nie mogła dać początku Australijczykom, nie mogła dać go również nikomu innemu poza Afryką. Nim jednak odrzucimy trasę północną i przejdziemy do zbadania przydatności trasy południowej, powinniśmy zatrzymać się na chwilę i zastanowić, czy reszta dowodów genetycznych pozostaje w zgodzie z koncepcją pojedynczego exodusu. Jeżeli bierzemy pod uwagę inne niż mitochondrialny DNA markery genetyczne, krótka odpowiedź brzmi „tak". Jeżeli przyjrzymy się chromosomowi Y, zobaczymy, że wszyscy nie-Afrykanie należą do tylko jednej męskiej linii afrykańskiej, oznaczonej, jako M168. Dzięki markerom linii genetycznych obojga rodziców kilka badań ponownie potwierdziło wystąpienie tylko jednej ekspansji poza Afrykę[65].

Inną kwestią, bardzo istotną, jest tutaj przewidzenie dat.

Kiedy patrzymy na zapoczątkowanie afrykańskiej linii genetycznej Ewy, która wyszła z Afryki i dała początek nie-Afrykanom, spoglądamy 83 000 lat wstecz[66] (rysunek 0.3). Nie pasuje to do archeologicznych i genetycznych dowodów o wiele późniejszej kolonizacji Lewantu i Europy sprzed zaledwie 50 000 lat.

W przeciwieństwie do pochodnej natury linii genetycznych w Afryce Północnej, istnieje w Afryce region o niezwykłym bogactwie linii genetycznych, bliskich i równoległych do samych korzeni gałęzi wyjścia z Afryki. To Etiopia z jej zielonymi wzgórzami sterczącymi wśród otaczającej pustyni i suchych sawann Rogu Afryki (Półwyspu Somalijskiego). Etiopia leży jednak na południowy wschód od Sahary, dokładnie u wrót szlaku południowego. Genetycy

prześcigają się teraz w studiowaniu genomów Etiopczyków, niektórzy bowiem mogą być potomkami źródłowej populacji pojedynczego exodusu. To prowadzi nas do przyjrzenia się trasie południowej.

TRASA POŁUDNIOWA

Aby w pełni zrozumieć następstwo korytarzy, z którymi potencjalni emigranci musieli się borykać, trzeba powrócić do pierwszych ludzi mających opuścić Afrykę. Miliony lat temu, gdy trwało rozłamywanie się superkontynentu Pangei, Afryka zatrzęsła się i pękła na flance. Ten wielki uskok skorupy ziemskiej łączy się z systemem szczelinowych dolin Afryki Wschodniej. Jego najbardziej widocznym efektem jest Morze Czerwone, głęboki wąwóz między Afryką i Arabią, na którego północnym krańcu leży teraz Suez, a kraniec południowy to cieśnina szeroka na 25 kilometrów i głęboka na 137 metrów, z powodu licznych raf znana jako Wrota Łez (Bab al Mandab). Dwa miliony lat temu cieśnina była sucha, a Afryka połączona z Arabią. Na obu krańcach Morza Czerwonego wiele eurazjatyckich i afrykańskich ssaków mogło przechodzić z Arabii do Afryki i odwrotnie. Jednakże w tym czasie Afryka odsuwała się już od Arabii w tempie 15 milimetrów na rok, stopniowo otwierając cieśninę, by w końcu zamknąć południową bramę wyjściową z Afryki.

Najnowsze dowody wskazują, że jednym z ostatnich ssaków, jakie wyszły z Afryki, nim Wrota Łez zostały ostatecznie zalane i zamknięte, był nasz dalszy kuzyn *Homo erectus*, który zabrał ze sobą kilka podstawowych narzędzi z otoczaków. W tym okresie, gdy oba przejścia, północne i południowe, były otwarte, nasz kuzyn rozprzestrzenił się szybko na wschód przez Indie do Azji Wschodniej i w górę do Lewantu, docierając do Dmanisi na Kaukazie 1,8 miliona lat temu[67].

Zalanie Wrót Łez nie było jedyną barierą zatrzymującą ruch ssaków do Azji. Pojawiły się jeszcze dwie inne. Pierwszą, już wcześniej wspomnianą, był długi łańcuch górski Zagros-Taurus. Został wypchnięty w górę w ciągu kilku poprzednich milionów lat, w tym

samym czasie co Himalaje. Ta kamienna bariera, rozciągająca się od Iranu do Turcji, skutecznie zamykała dostęp z Lewantu do Indii, Pakistanu i Dalekiego Wschodu od czasu, gdy ludzie po raz pierwszy wyruszyli z Afryki. Druga bariera lądowa oddzielająca przejście północne od południowego (rysunek 1.6) to wielka pustynia na południu Półwyspu Arabskiego, Ar-Rub al Hali, znana też pod ponurą nazwą „pustej ćwiartki". Jedna z najsuchszych pustyń świata, z nastaniem plejstocenu dwa miliony lat temu powiększyła swe rozmiary, zajmując prawie cały Półwysep Arabski.

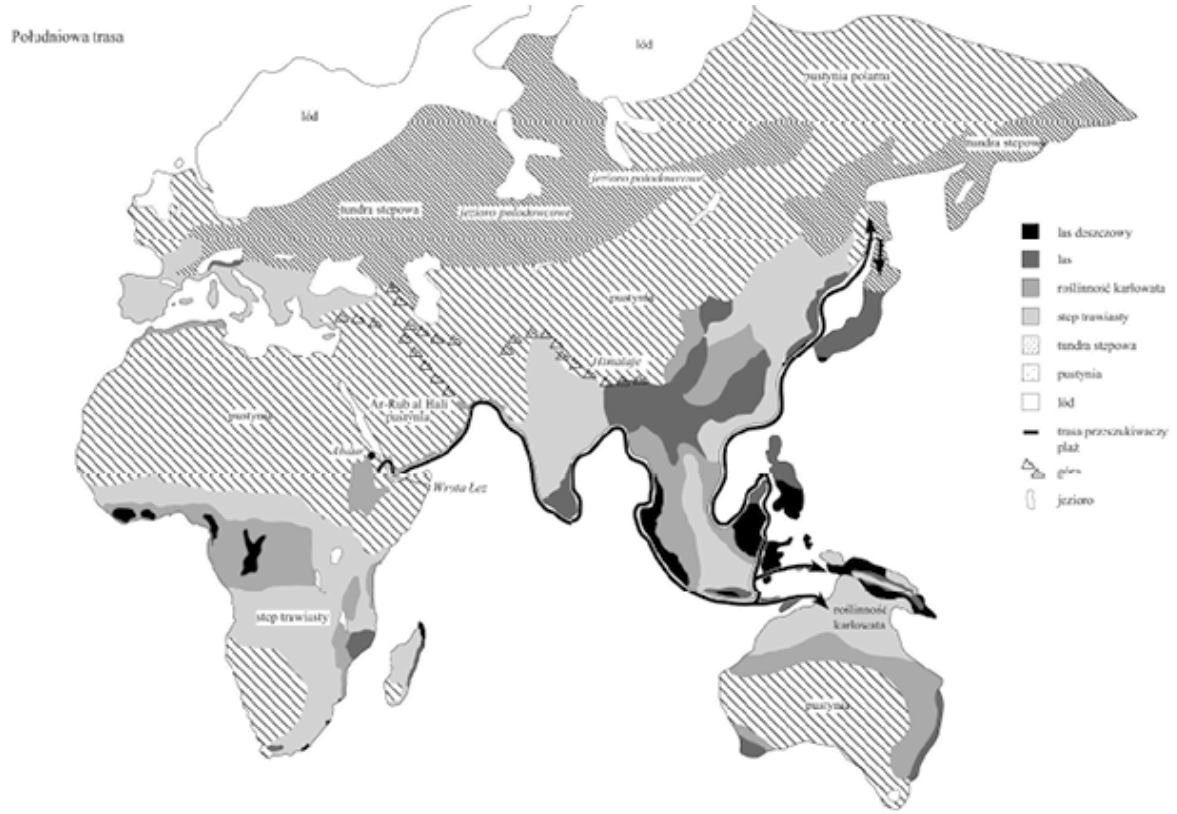
W okresach lodowcowych pogoda była średnio chłodniejsza, a parowanie mórz mniejsze, co z kolei oznaczało mniejsze opady deszczu w pasie pustynnym. W okresach rzeczywiście ostrego zlodowacenia, jak to, do którego doszło 18 000 lat temu, wielkie ilości wody zostały uwięzione w taflach lodowych grubych na kilometr. Podczas maksimum zlodowacenia poziom morza opadł wystarczająco, by niemal zatrzymać normalną wymianę wód między Morzem Czerwonym i Oceanem Indyjskim[68]. Dwukrotnie w czasie ostatnich 200 000 lat naszego istnienia na Ziemi Morze Czerwone właściwie zamieniło się w parujące słone jezioro, a większość planktonu wymarła. Choć Morze Czerwone było w zasadzie odcięte, u ujścia wciąż pozostawał bardzo wąski kilkukilometrowy kanał wodny, poprzecinany rafami i wyspami.

Tak jak zazielenienia Sahary, tak i ostre zlodowacenia były rzadkie i raczej krótkotrwałe. Gdy się zdarzały, mniej więcej raz na 100 000 lat w ciągu ostatnich dwóch milionów lat, ludzie mogli z łatwością wydostać się z Afryki przejściem południowym, pokonując ujście Morza Czerwonego, być może za pomocą prymitywnych tratw i przeskakując z wyspy na wyspę w miarę potrzeby. (Tratwy nie były oczywiście osiągalne dla innych dużych ssaków). Nawet w okresach takiej dostępności główna część Półwyspu Arabskiego, zawsze do cna sucha, nie jest dla emigrantów atrakcyjnym celem. Kuszą jednak zielone azyle na wyżynach Jemenu, powyżej Adenu. Południowemu wybrzeżu Arabii korzyści niosą także monsuny. Ludzie opuścili więc Afrykę przejściem południowym przynajmniej trzykrotnie w ciągu ostatnich dwóch milionów lat[69].

Po pierwszym przejściu ludzi do Azji dwa miliony lat temu pustynne bariery oddzielające Europę i Środkowy Wschód od Azji były zamknięte. Wychodząc z Afryki szlakiem południowym, mogli jedynie ruszyć do Indii wzdłuż wybrzeża, tak jak dla wychodzących przejściem północnym pozostawała tylko droga do Lewantu, na Kaukaz i do Europy.

Skomplikowane przegrody i bariery stojące przed migrującymi do Azji ustanowiły wzór ludzkiej kolonizacji reszty świata. Gdy jakakolwiek nowa wersja rodzaju *Homo* powstawała w Afryce, pewne plemiona mogły wybierać północną drogę wyjścia w okresach ociepleń międzylodowcowych, inne zaś trasę południową w okresach zlodowaceń. Pierwsi ludzie, którzy wyszli trasą północną w okresie międzylodowcowym około 1,8 miliona lat temu, dotarli aż do Dmanisi w Gruzji. Z wyglądu zapewne bliżsi *Homo habilis*, najwcześniejszego i najbardziej prymitywnego człowieka Afryki, niż żyjącego współcześnie w Azji Wschodniej *Homo erectus.* Mieszczącym się gdzieś między afrykańskim *Homo erectus* (*Homo ergaster*) a *Homo habilis* nadano nową nazwę gatunkową *Homo georgicus*.

Ta równoległa kolonizacja dokonywana różnymi trasami przez dwa różne wczesne gatunki ludzkie wspiera pogląd, że ludzkie wyjścia z Afryki przed zamknięciem południowej trasy zależały bardziej od okazji wynikających z warunków geograficznych, takich samych dla wszystkich afrykańskich ssaków, niż – jak wcześniej sądzono – od szczególnego zachowania *Homo erectus*[70].



Rysunek 1.6. Pojedyncza południowa trasa wyjścia z Afryki. Cała przybrzeżna trasa zbieracka wzdłuż brzegów Oceanu Indyjskiego i Spokojnego od Morza Czerwonego do Australii i dalej prawdopodobnie do Chin, Japonii i Nowej Gwinei. Roślinność i poziom mórz sprzed 70 000 lat. Warto zauważyć wielką rozciągłość pustyni broniącej dostępu do północnej Eurazji.

Wobec tego, gdy stało się zimniej, ludzie Dmanisi musieli wymrzeć dawno temu na Kaukazie i w Lewancie. Jak widzieliśmy, ta sama tragedia spotkała ludzi rozumnych dwa miliony lat później, po eemskim okresie międzylodowcowym. Gdy po kilku tysiącach lat Lewant wysechł, ludzie Dmanisi nie byli w stanie uciec ani na północ, ani na południe, ani na wschód i wyginęli. Była to może danina dla następnych emigrantów, *Homo heidelbergensis*, by ich potomstwu lepiej się powiodło w kilkakrotnej kolonizacji Europy, prawdopodobnie trzykrotnej w ciągu ostatnich 800 000 lat. Ostatnia z tych północnych migracji mogła nastąpić podczas okresu międzylodowcowego zaledwie 250 000 lat temu. Do tego czasu

afrykański źródłowy gatunek *Homo*, choć nadal z silnie rozwiniętymi łukami nadoczodołowymi, rozwinął większe mózgi i zaczął wytwarzać bardziej zaawansowane środkowopaleolityczne narzędzia. Foley i Lahr temu przodkowi ostatniej afrykańskiej emigracji nadali nazwę *Homo helmei*[71]. Postulują, że w Europie rozwinął się on w naszego bliskiego kuzyna *Homo neanderthalensis.*

Niemal w tym samym okresie (od 160 000 do 800 000 lat temu) liczba migracji ludzkich na Daleki Wschód trasą południową mogła być zbliżona. Wyposażeni w duże mózgi Azjaci nie byli identyczni jak ich europejscy kuzyni, ale jednak do nich podobni. Tak samo jak neandertalczycy, późniejsze wschodnie migracje z Afryki około 200 000 lat temu osiągnęły również większe mózgi, o czym świadczą czaszki Maba i Dali odkryte w Chinach[72], a nawet prawdopodobnie „Madeleine" z Jawy (rysunek 0.2).

Możemy nawet w przybliżeniu ustalić datę ostatniej południowej migracji z Afryki na okres sprzed pojawienia się ludzi rozumnych. Dolina Narmady w centralnych Indiach była domem archaicznego człowieka o dużym mózgu, którego czaszkę udało się datować jedynie z grubsza, ale na pewno na okres sprzed 150 000 lat temu. Choć znaleziono tam jedynie kilka szczątków kopalnych ludzi przedrozumnych, Indie są o wiele bogatsze w kamienne szczątki ich produktów. Starsze, tak zwane aszelskie (paleolit dolny) narzędzia są w Indiach z grubsza datowane na okres od 160 000 do 670 000 lat temu, natomiast pochodzące z Afryki z nowszego paleolitu średniego pojawiły się w Indiach z końcem tego okresu, około 160 000 lat temu[73]. Sugeruje to, że ostatnie wyjście ludzi przedrozumnych z Afryki mogło nastąpić dopiero 160 000 lat temu, podczas suchej epoki lodowcowej, która poprzedziła nastanie ludzi rozumnych.

Końcową zmianę narzędzi z okresu przejściowego między środkowym a górnym paleolitem również możemy zaobserwować w centrum doliny Narmady i w środkowej części dorzecza Son w północnych Indiach. Szczątki znajdują się w popiołach z wielkiego wybuchu wulkanu Toba na Sumatrze około 74 000 lat temu. Sugeruje to, że główne zmiany kultury nastąpiły mniej więcej w tym czasie[74]. Narzędzia z górnego paleolitu są charakterystyczne dla ludzi

rozumnych, którzy przybyli do Lewantu i Europy od 25 000 do 30 000 lat później.

CZY MIELI PIETRA?

Trasa południowa przez Morze Czerwone, najlepiej dostępna w okresie zlodowaceń, stanowi w pewnym sensie najważniejszy dowód uzasadnionego przez nas wyjścia z Afryki. Myślę, że nastąpiło ono nie podczas ciepłego eemskiego okresu międzylodowcowego 125 000 lat temu, lecz 45 000 lat później na progu długotrwałego zlodowacenia eemskiego. Gdy rozważamy dowody tej podstawowej migracji, starając się nawet zawęzić jej datowanie, pojawiają się trzy oczywiste pytania: dlaczego przeszliśmy przez Morze Czerwone, kiedy to zrobiliśmy i dlaczego nie zrobiliśmy tego wcześniej.

Odpowiedź na ostatnie pytanie – dlaczego czekaliśmy tak długo na dokonanie tego niewielkiego przeskoku przez morze – 11 kilometrów w okresie zlodowaceń to mniej, niż wynosiła szerokość wielu rzek u ich ujścia – jest może najbardziej odkrywcza. My ludzie możemy być uparci, agresywni i niecierpliwi, lecz jesteśmy również zaradni i bystrzy. Nie rozważalibyśmy masowej migracji na inną planetę lub za morze na inny kontynent, gdyby nasi zwiadowcy nie przynieśli wieści o warunkach, które uznalibyśmy za szczęśliwe. Analizowalibyśmy również szanse przeżycia wędrówki powrotnej, gdybyśmy zostali do niej zmuszeni. Wiele mówi nam obserwacja dokonywanej małymi krokami migracji Polinezyjczyków na Pacyfiku podczas minionych kilku tysięcy lat.

Sądząc po gwałtownym rozprzestrzenieniu się ludzi rozumnych wzdłuż wybrzeża Oceanu Indyjskiego i ich szybkim dostaniu się do Australii, pierwsi rozumni Azjaci mogli z łatwością przez pierwsze 70 000 lat na łodziach lub tratwach wielokrotnie przepływać wąski przesmyk u ujścia Morza Czerwonego, wracając na tereny swych przodków. Co ich więc powstrzymywało? Niemal pewną odpowiedzią jest obecność innych ludzi po drugiej stronie wody – o czym być może dowiedzieli się od swych zwiadowców. Oczywiście nie mogli to

jeszcze być ludzie rozumni, lecz do nich zbliżeni: azjatyccy potomkowie afrykańskich *Homo helmei*. Wspierają ten punkt widzenia dowody z Indii, jak również obfitość narzędzi ze średniego paleolitu znajdowanych po drugiej stronie morza, w Jemenie i południowej Arabii.

W jednej z wydanych niedawno książek o pochodzeniu ludzi[75] przez analogię do sceny z *Wojen gwiezdnych* przedstawiającej barek służący wielu gatunkom ludzkim podkreślono, że przed kilkuset tysiącami lat kilku gatunkom ludzkim udało się przez długi czas żyć bez wzajemnej eksterminacji. Być może bardziej od przyjacielskiego, sąsiedzkiego nastawienia przyczyniło się do tego zamieszkiwanie każdego podgatunku zwykle na oddzielonych od siebie kontynentach i wyspach.

Gdy kilka gatunków próbowało zamieszkiwać na jednym kontynencie, zwykle kończyło się to pozostaniem przy życiu jednego. Dowody kopalne w Afryce pokazują, że po narodzeniu się ludzi rozumnych 130 000 lub więcej lat temu gwałtownie znikły tam ślady naszych rodziców *Homo helmei*. Ostatnie są datowane na około 130 000 lat temu. Możemy zgadywać, czy spośród afrykańskich hominidów ludzie rozumni byli jedynymi, którzy przetrwali bardzo suchy okres od 140 000 do 190 000 lat temu, czy też „oczyścili" Afrykę z *Homo helmei*. Zgadywanie odpowiedzi opiera się na znanych nam skutecznych doświadczeniach ludobójstwa dokonywanego w Tasmanii, Niemczech, Rwandzie i na Bałkanach. Wymarcie Tasmańczyków w XIX wieku to jedyny przykład unicestwienia całej rasy osiągniętego za pomocą wymyślnych działań wyniszczających w stosunkowo krótkim czasie. Być może było to możliwe z powodu zamknięcia ofiar na wyspie, z której nie mogły uciec i która stała się ich grobem. A więc zgodnie ze współczesnymi zapisami historycznymi, jesteśmy gotowi wierzyć we własne dążenie i zdolność do eksterminacji sąsiadów. Mamy wszelkie dane po temu, by uznać, że mając do dyspozycji okres kilku tysięcy lat, mogliśmy osiągnąć ten sam rezultat w skali kontynentu[76].

Na nowym kontynencie najtrudniejsze były pierwsze kroki. Niezwykle udana prehistoryczna ekspansja przodków obecnych

Polinezyjczyków z południowo-wschodniej Azji na wyspy oceanów Indyjskiego i Spokojnego daje nam informacje o przemieszczaniu się na nowe terytoria. Choć dysponowali doskonałą techniką żeglarską, której zazdrościł im nawet kapitan Cook, zawsze unikali osiedlania się na wyspach już zamieszkanych. Gdy pożeglowali tak daleko na wschód, że nie mając wyboru, musieli lądować jako „goście", jak to się stało na przykład na wielkiej, zamieszkanej Nowej Gwinei, ich kolonie pozostają dosłownie „na plaży" po dziś dzień, tysiące lat później[77]. Przejęcie zamieszkanego kontynentu przez niewielką grupę przybyłych zza morza najeźdźców dysponujących lepszą techniką stało się możliwe dopiero w czasie ostatnich kilkuset lat.

Od 130 000 lat ludzie rozumni, jedyni, którzy przeżyli, mieli kontynent afrykański tylko dla siebie. Jeżeli – co wydaje się prawdopodobne – najwcześniejsi ludzie rozumni w Afryce Wschodniej wiedzieli o krzaczastobrewych sąsiadach odznaczających się podobnymi zdolnościami po drugiej stronie wody, w Jemenie, mogli uznać, że na razie bardziej im odpowiada własna dominacja i swoboda działania w Afryce. O tym, co czekało na nich po drugiej stronie Morza Czerwonego, będziemy wiedzieć więcej po dokładniejszym zbadaniu i datowaniu okresu paleolitu w Jemenie. Jednak już wczesne wykopaliska prowadzone przez Gertrude Caton-Thompson, archeolożkę z Cambridge, upewniły nas, że te tereny w epoce paleolitu były już zasiedlone przez ludzi[78].

CZAS W DROGĘ

Ostatnio wiele rozważano na temat „plażowego zbieractwa" (*beachcombing*[79]) pierwszych rozumnych Afrykanów jako motywu ich rozprzestrzenienia się wzdłuż wybrzeża Oceanu Indyjskiego (rysunek 1.6). Przez pierwsze dwa miliony lat bytowania na Ziemi ludzie wędrowali po sawannach, zajmując się zbieractwem i myślistwem. Organizując polowania grupowe, na przykład na Kalahari na południu Afryki, eksplorowali bogate w żywność rejony, uzupełniając dietę sałatkami z korzeni, owoców i liści. Gdy wielkie

zlodowacenie od 130 000 do 190 000 lat temu zmniejszyło zasięg sawann, ktoś wpadł na pomysł żywienia się mięczakami, skorupiakami i innymi produktami plaż. Jest prawdopodobne, że „plażowe zbieractwo" rozpoczęło sie o wiele wcześniej, ale ponieważ dawne plaże są obecnie pod wodą, nigdy się tego nie dowiemy. Ta bogata w białka, pożywna dieta dobrze służy mózgowi i jest łatwiejsza do zdobycia od zwierzyny łownej. Ponadto plażowe jedzenie pozostawało dostępne, gdy sawanny wysychały w epoce lodowcowej.

Udowodnienie plażowego zbieractwa okazuje się niespodziewanie łatwe, gdyż pozostały po nim charakterystyczne stosy rozpłatanych muszli, ale problemem jest dowiedzenie się, od jak dawna ludzie się tym zajmują. Pokłady muszli są zwykle znajdowane powyżej górnej granicy przypływu, a przez większość ostatnich 200 000 lat poziom mórz znajdował się o wiele metrów poniżej obecnych plaż. Z tego powodu musimy się spodziewać, że wiele starożytnych pokładów archeologicznych pozostanie przez nas nieodkrytych, z wyjątkiem tych, które powstały, gdy poziom mórz był najwyższy w epokach międzylodowcowych, na przykład 125 000 lat temu.

Neandertalczycy przeczesywali plaże Hiszpanii i Włoch 60 000 lat temu, więc jest prawdopodobne, że wynieśli ten zwyczaj z Afryki. Jednakże aż do ostatnich czasów najwcześniejsze dowody plażowego zbieractwa w Afryce pochodziły z ujścia południowoafrykańskiej rzeki Klasies z okresu od 100 000 do 115 000 lat temu. W roku 2000 zostały odkryte nowe dowody wczesnego zbieractwa plażowego w Abdur na erytrejskim wybrzeżu Morza Czerwonego na północ od Wrót Łez (Bab al Mandab). Z tej samej części wybrzeża, sprzed 125 000 lat, ze szczytu eemskiego okresu międzylodowcowego, pochodzą szczątki zabitych i poćwiartowanych wielkich ssaków, co wskazuje na dietę mieszaną. Narzędzia takie jak ostrza ze szkliwa wulkanicznego, obsydianu, najprawdopodobniej musiały być wykonane przez ludzi rozumnych[80].

Największe zainteresowanie tym obszarem Morza Czerwonego jest po dwakroć uzasadnione: znajdujemy tam starsze niż gdziekolwiek indziej dowody zbieractwa plażowego, a do tego odkrywamy je

w pobliżu trasy południowego wyjścia z Afryki. Oba aspekty pasują do atrakcyjnego modelu, który możemy nazwać „beach-buggy[81] to Australia". Mamy zatem fascynującą historię plażowych zbieraczy rozmnażających się w jednym miejscu wybrzeża, dopóki jest ono w stanie ich utrzymać, po czym przenoszących się dalej na jeszcze niewyeksploatowany teren i tak dalej. Tak szybkie posuwanie się naprzód po przekroczeniu Morza Czerwonego doprowadziłoby awangardę wzdłuż wybrzeża Oceanu Indyjskiego do Indonezji w ciągu 10 000 lat. Niski poziom mórz w tym czasie pozwalał przejść suchą nogą z Adenu na Jawę i łatwo przeskoczyć do Australii, gdzie znaleziono pokłady skorup z czasów najwcześniejszych śladów osadnictwa ludzkiego.

Jestem przekonany, że ten model skolonizowania Australii jest właściwy, ale daty muszą pasować nie tylko do odkryć archeologicznych, lecz także do zegara molekularnego na drzewie genealogicznym wszystkich rozproszonych Eurazjatów. Jeżeli na szczycie modelu „beach buggy" umieścimy jedynie *pojedyncze* wyjście z Afryki prowadzące do skolonizowania Australii i reszty świata, możemy zacząć dość dokładnie przewidywać porządek i czas skolonizowania po drodze Indii i południowo-wschodniej Azji wraz z równoległą wędrówką na Nową Gwineę. Te przewidywania mogą stać się testem tej teorii.

DLACZEGO I KIEDY NAPRAWDĘ WYSZLIŚMY Z AFRYKI?

Z genetycznym zegarem molekularnym jest jeden problem; musimy pogodzić się z raczej sporym marginesem błędu. Tak więc możemy być przekonani, że zgodnie z tym, co mówi drzewo genowe, było tylko jedno udane wyjście z Afryki, ale wynikające stąd datowanie wskazuje, że mogło się zdarzyć w dowolnym czasie od 70 000 do 95 000 lat temu[82]. Nasi przodkowie mogli więc przed rozpoczęciem wędrówki zbierać muszle na zachodnim brzegu Morza Czerwonego przez jakieś 55 000 lat, zacząwszy przynajmniej 125 000 lat temu.

Zanim zaczniemy poszukiwać dowodów archeologicznych, zastanówmy się najpierw, czy jakieś zdarzenie klimatyczne, jakich było wiele w naszej prehistorii, nie stało się przyczyną wyruszenia w drogę. Czy czasowe zaostrzenie zlodowacenia mogło obniżyć poziom morza we Wrotach Łez tak bardzo, by nasi przodkowie mogli je przekroczyć, przechodząc od rafy do rafy? Narastająca suchość na wschodnim wybrzeżu Afryki mogła ograniczyć dostępne zasoby wody pitnej, czyniąc tym samym wilgotniejsze monsunowe południowe wybrzeże Jemenu atrakcyjnym dla przeszukiwaczy plaż. Płycizna prowadząca do Arabii mogła być ostatecznym bodźcem skłaniającym do pokonania obaw przed sąsiadami. Ci ostatni, zapewne pozbawieni umiejętności plażowego zbieractwa, mogli opuścić południową Arabię z powodu suszy.

Pomimo atrakcyjnej biblijnej aluzji do takiego ciągu zdarzeń, problem suchego przejścia ujścia Morza Czerwonego w okresie od 60 000 do 90 000 lat temu jest sprzeczny z danymi oceanograficznymi, wedle których Wrota Łez nigdy nie były całkowicie suche w interesującym nas okresie. Coś takiego zdarzyło się zaledwie trzy razy podczas największych zlodowaceń w ciągu minionego pół miliona lat: 440 000 i 140 000 lat temu oraz podczas szczytu ostatniego zlodowacenia 18 000 lat temu[83].

W okresach zlodowaceń cieśnina była o wiele węższa, co pozwalało łatwo przeskakiwać z wyspy na wyspę, brodząc po mieliznach i idąc po wyspach rafowych takich jak Hanish al Kubra w północnej części przesmyku. Jak widzieliśmy, to właśnie tam przekroczył morze azjatycki *Homo erectus*, więc i dla naszych pionierów nie mogło to stanowić przeszkody nie do przebycia w trwającej kilka tysięcy lat podróży do Australii. Choć Morze Czerwone nie zostało oddzielone, na okres naszego pierwszego wyjścia z Afryki (rysunek 1.7) przypada bardzo silne ochłodzenie. Pomiary grenlandzkiej czaszy lodowej pokazują, że drugi najzimniejszy okres w ciągu ostatnich 100 000 lat zdarzył się między 60 000 a 80 000 lat temu[84]. W szczycie zimna około 70 000 lat temu poziom mórz spadł 80 metrów poniżej obecnego. Sposób, w jaki

mierzono najniższy stan wód Morza Czerwonego, nieoczekiwanie dał klucz do zrozumienia, co mogło stanowić bodziec do wyruszenia.

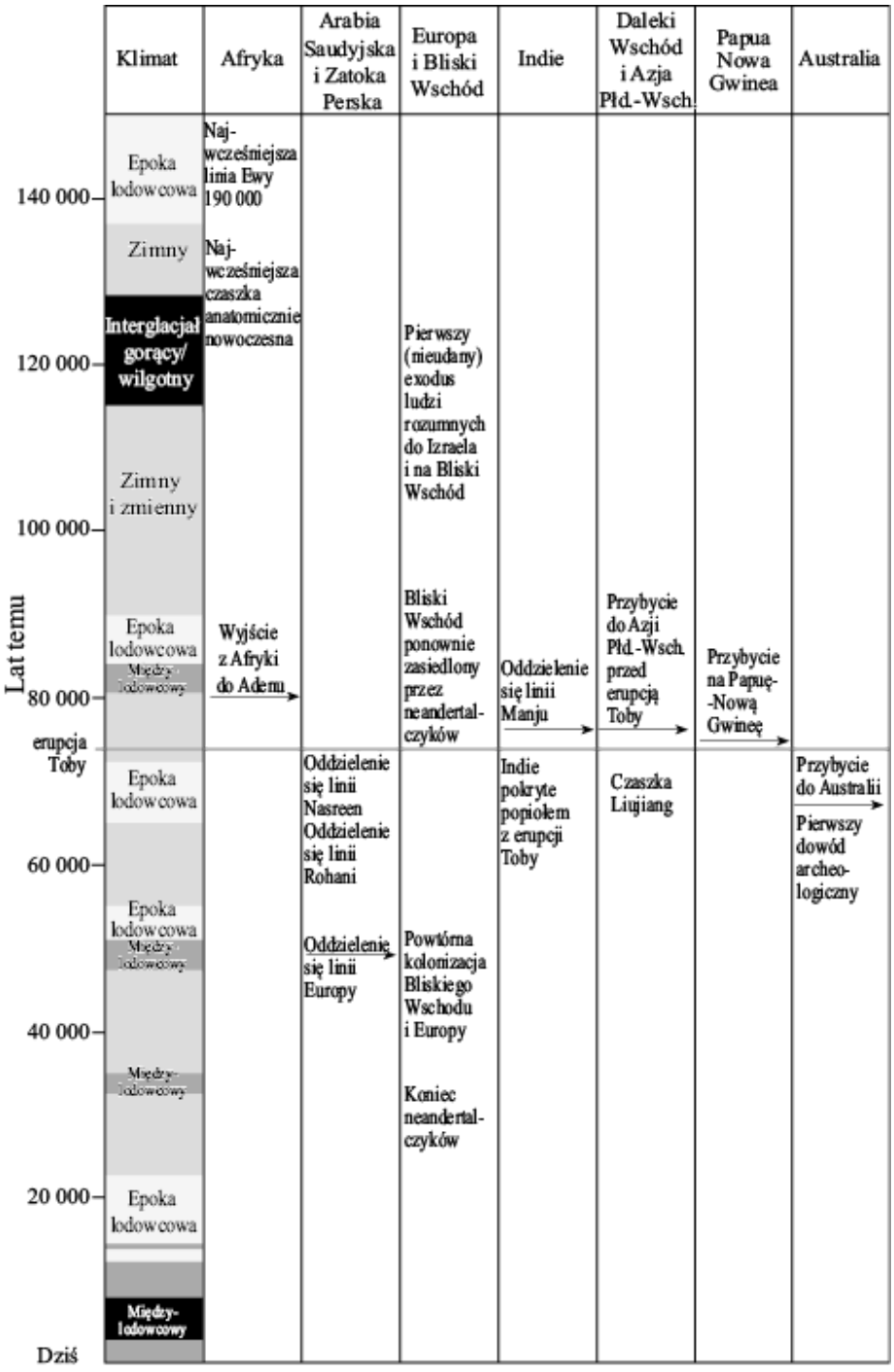
Oceanografowie, patrząc na rafy koralowe, mogą zmierzyć najwyższy poziom wód okresu interglacjalnego. Najniższe poziomy wód z czasów maksymalnego zlodowacenia są o wiele trudniejsze do ustalenia. Eelco Rohling, oceanograf z uniwersytetu w Southampton znalazł sposób, by dzięki Morzu Czerwonemu przezwyciężyć ten problem. Zmierzył prehistoryczne poziomy planktonu w Morzu Czerwonym. U szczytu zlodowacenia Wrota Łez były prawie zamknięte i Morze Czerwone zostało niemal odcięte od wymiany wód z Oceanem Indyjskim. Parowanie spowodowało tak znaczny wzrost zasolenia Morza Czerwonego, że zanikł plankton, podstawa morskiego łańcucha pokarmowego. Podczas okresu interglacjalnego, jak teraz, wysoki poziom wody pozwala Morzu Czerwonemu na pozbywanie się soli i życie w morzu powraca. Niski stan wody, taki jak ten sprzed 70 000 lat, nie zablokował całkowicie ujścia Morza Czerwonego, więc plankton, choć mocno doświadczony przez los, nie zniknął zupełnie. Jego niski poziom pozwolił Rohlingowi potwierdzić poprzednie oszacowania 80-metrowej depresji w tym czasie[85].

Na ilość planktonu źle wpływa brak tlenu i wysokie temperatury wody na płyciznach – warunki takie panowały w pobliżu plaż opodal Abdur w Erytrei oraz przy ujściu Morza Czerwonego. Niski poziom planktonu w Morzu Czerwonym miał z kolei wpływ na sukcesy plażowych zbieraczy. Dla kontrastu plaże po drugiej stronie Zatoki Adeńskiej korzystały z bogatych w pożywienie, dobrze natlenionych wód z Oceanu Indyjskiego. Innymi słowy, po drugiej stronie na południowym krańcu wybrzeża arabskiego warunki do plażowego zbieractwa były prawdopodobnie doskonałe[86].

Zatem zapewne zanikające zasoby żywności na zachodnim wybrzeżu Morza Czerwonego, atrakcyjne plaże Zatoki Adeńskiej i chłodne, wilgotne wzniesienia Jemenu były czynnikami, które skłoniły naszych przodków do historycznego kroku. Pozostaje pytanie, kiedy to się stało: czy czekali, aż plażowe zbieractwo doszło do samego dna, około 70 000 lat temu, czy wyruszyli wcześniej, gdy

zaczynało się pogorszenie? Po raz wtóry plankton z Morza Czerwonego daje klucz do znalezienia odpowiedzi. Ilość planktonu nie była zależna wyłącznie od poziomu morza we Wrotach Łez. Zmiany północno-wschodniego monsunu obwieszczały główne zlodowacenia i wpływały na dotlenianie i parowanie Morza Czerwonego. Jeden szczególny gatunek planktonu, wyjątkowo wrażliwy na zmiany, zaczął szybko zamierać około 80 000 lat temu[87]. Być może to było bodźcem, który naszych przodków wypchnął na trasę plażowego zbieractwa.

Dowód innej wielkiej katastrofy klimatycznej, jaka przydarzyła się w okresie obniżenia poziomu mórz, dają wiercenia dna Morza Arabskiego[88] – 74 000 lat temu nastąpiła erupcja wulkanu Toba na Sumatrze.



Główne zdarzenia podczas procesu zaludniania świata

Rysunek 1.7. Linia czasu zdarzeń klimatycznych i ludzkiej ekspansji. Okres międzylodowcowy wcześniej niż 125 000 lat temu pozwolił na pierwsze północne wyjście. Załamanie klimatyczne sprzed 80 000 lat wpłynęło na zasolenie Morza Czerwonego i mogło wywołać wyjście południowe. Wybuch wulkanu Toba przyczynił się do powstania genetycznego wąskiego gardła w Afryce i poza nią.

Okres zlodowacenia 70 000 lat temu umożliwił dotarcie do Australii, podczas gdy dwie grupy okresów międzylodowcowych ułatwiły osadnictwo w Europie.

Ten megawybuch, uznany za największy w ciągu ostatnich dwóch milionów lat, spowodował długotrwałą zimę nuklearną i uwolnił olbrzymi pióropusz popiołów, który rozciągnął się na północny zachód, pokrywając Indie, Pakistan i region Zatoki Perskiej warstwą pyłu grubości od jednego do trzech metrów.

Jeżeli nasi przodkowie opuścili Afrykę 80 000 lat temu, ich potomkowie mogli wyprzedzić wybuch Toby na Sumatrze o 6000 lat (rysunek 1.7), więc przeszukiwacze plaż wokół Oceanu Indyjskiego mogli znaleźć się na linii największego w historii ludzkości spadku popiołów wulkanicznych. Wybuch wulkanu Toba jest wartościowym znacznikiem daty, gdyż wyrzucone w jego czasie popioły pokryły olbrzymie terytorium i ich odkrycie, gdziekolwiek pozostały w nienaruszonych warstwach, pozwala na dokładne datowanie.

Malajska archeolożka Zuraina Majid badała pozostałości współczesnej kultury w lesistej dolinie w stanie Perak w pobliżu Penangu. Ciągła paleolityczna tradycja znana jako kultura Kota Tampan sięga tam wstecz dziesiątków tysięcy lat. Na jednym stanowisku narzędzia z tej tradycji leżą osadzone w wulkanicznych popiołach z Toby[89]. Jeżeli ich powiązanie z ludźmi rozumnymi zostanie potwierdzone, będzie to oznaczać, że dotarli oni do południowo-wschodniej Azji przed wybuchem Toby – ponad 74 000 lat temu. To z kolei czyni wyjście sprzed 80 000 lat najbardziej prawdopodobnym. Genetyczne i inne dowody jednakowo pasują do scenariusza zajęcia Australii przez ludzi 70 000 lat temu. Wybuch Toby pokrył Indie wyjątkowo grubą warstwą popiołów. Trudno sobie wyobrazić, jak pierwsi koloniści mogli tam przetrwać to największe ze wszystkich nieszczęść. Możemy więc przewidzieć, że na rozległym obszarze między wschodnią i zachodnią Azją doszło do wielkiego wymierania ludzi. Tak głęboki podział na wschód i zachód (czy tak głęboka „bruzda") jest wyraźnie widoczny w zapisie genetycznym.

Jak wczesna data wyjścia pasuje do danych genetycznych? Być może jest to najbardziej kontrowersyjną i podniecającą częścią

historii. Najkrótszą odpowiedzią jest stwierdzenie, że genetyczne dane i drzewo pasują dobrze do wczesnego wyjścia (zob. rozdziały 3 i 4). To także odpowiedź na pytanie, które pozostawiłem w zawieszeniu, o pochodzenie Europejczyków. Dlaczego Europa została skolonizowana nie wcześniej niż 50 000 lat temu, skoro mamy tych samych żeńskich przodków co Australijczycy i Azjaci?

PIERWSZE KLANY AZJATYCKICH ADAMA I EWY

Jak zobaczyliśmy wyżej, niewielka liczba założycielskich klanów Ewy z Afryki wylądowała w Jemenie i została odizolowana od Afryki. Po wielu pokoleniach te linie ostatecznie stały się jedną mitochondrialną Ewą, która wyszła z Afryki, oznaczoną techniczną nazwą L3. L3 wkrótce dała początek dwóm żeńskim klanom pochodnym: Nasreen (N) i siostrzanemu Manju (M) (rysunek 1.4).

Manju, najstarszą i najbardziej różnorodną rodzinę, znajdujemy w Indiach, a Nasreen z kolei została jedyną matką Europejczyków, gdyż praktycznie nie było żadnych córek Manju w zachodniej Eurazji. Obecnie potomków zarówno Nasreen, jak i Manju spotykamy we wszystkich częściach świata z wyjątkiem zachodniej Eurazji (zob. Dodatek 1 i rysunek 0.3). Ten fakt sam w sobie potwierdza, że każdy nie-Afrykanin w Australii, Ameryce, na Syberii, w Islandii, Chinach i Indiach może prześledzić swe pochodzenie wstecz do jednej jedynej linii wywodzącej się z Afryki: dowodzi to, że było tylko jedno wyjście. Wydaje się, że po nim unikatowa afrykańska tożsamość z linii L3 uległa genetycznemu dryfowi i została zatracona z wyjątkiem lokalnych pozostałości z linii prostej Nasreen, Manju i ich córek. Możemy więc prześledzić pochodzenie każdego nieafrykańskiego potomka, oczekującego przy ladzie w sklepie, powiedzmy, w Mongolii Zewnętrznej, Alice Springs lub Chicago, wstecz aż do pierwszej grupy, która opuściła Afrykę.

Jest kilka wyjątków, które potwierdzają regułę. Jeden z nich to już wspomniana linia U6, która powróciła z Lewantu do Afryki Północnej. Drugi to M1, która powróciła przez Morze Czerwone do Etiopii mniej

więcej w okresie ostatniego zlodowacenia. Skąd to wiemy? W ostatnio opublikowanej intrygującej pracy estońscy genetycy Toomas Kivisild i Richard Villems pokazali, że M1 nie powróciła z Azji do Afryki tak szybko jak klan Manju[90]. Innymi słowy, M1 to o wiele późniejsza rekolonizacja Afryki Północnej z Azji.

Linię córki Ewy, Manju, znajdujemy tylko u Azjatów, nie u Europejczyków. Najstarsze gałęzie klanu Manju datujemy na 74 000 lat temu w Azji Centralnej, 75 000 lat na Nowej Gwinei i 68 000 lat w Australii. Indie, jak już wspomniano, zamieszkuje najwięcej podgałęzi Manju i mogą one nawet być miejscem narodzin Manju z subklanu L3, a wiek jednego z subklanów w Indiach (M2) to 73 000 lat[91].

Podobny obraz widzimy, przyglądając się linii genetycznej naszych ojców zapisanej w chromosomie Y. Spośród wszystkich linii męskich obecnych w Afryce przed wyjściem tylko jedna dała początek wszystkim nieafrykańskim męskim liniom i klanom. Od tego Adama, który wyszedł z Afryki pochodzą trzy początkowe gałęzie pozaafrykańskie, w przeciwieństwie do dwóch żeńskich (Nasreen i Manju). Genetykom są znane jako C, D/E (lub YAP) i F. Dla prostoty nazwałem te trzy klany od imion trzech synów Adama: Kain, Abel i Set (zob. Dodatek 2). Tak jak w przypadku linii Ewy, która wyszła z Afryki, są obecnie również reprezentowane na afrykańskich obszarach subsaharyjskich. W przypadku Adama linia Abla ma dwa odgałęzienia: azjatyckie i afrykańsko-zachodnioeuropejskie. To ostatnie jest szczególnie silnie reprezentowane wśród ludów Bantu, które ostatnio bardzo rozprzestrzeniły się z północy na południe Afryki. Jednakże aby na tym etapie nie komplikować sprawy, szczegółową dyskusję o trzech synach Adama odłożę do rozdziałów 3–7.

POCHODZENIE EUROPEJCZYKÓW

Drzewo genetyczne mówi nam coś prostego i niezwykłego o Europejczykach i Lewantyńczykach: otóż nie pochodzą wprost

z Afryki, lecz z jakichś okolic południa Indii. Z dwóch azjatyckich córek Ewy Nasreen najprawdopodobniej narodziła się bardziej na zachód na szlaku wzdłuż wybrzeża. Od Manju różni się tym, że więcej jej córek znajdujemy wśród nie-Afrykanów na całym świecie w Eurazji, Australii i obu Amerykach. Ta odmienność od klanu Manju, którego nie spotykamy w Europie i Lewancie, oznacza, że podział klanu Nasreen na wschodni i zachodni mógł nastąpić w pobliżu miejsca, gdzie plażowi zbieracze dotarli do Indii. Według datowania genetycznego azjatyccy i australijscy potomkowie Nasreen pochodzą przynajmniej z równie wczesnego okresu co Manju[92]. Najbardziej prawdopodobny punkt na trasie, gdzie narodziła się Nasreen, to Zatoka Perska. W tym suchym okresie nie była to zatoka, ale oaza ze świeżą wodą na płyciznach zasilanych przez geologiczne formacje wodonośne oraz rzeki Tygrys i Eufrat. Tam na południu około 60 000 lat temu narodziła się córka Nasreen, Rohani. To przepiękne miejsce pustynnego wygnania musiało przetrwać przez następne dziesiątki tysięcy lat, gdyż, choć zachodnie klany na pewno narodziły się na południu, nie znaleźliśmy żadnych genetycznych dowodów świadczących o przybyciu córek Nasreen i Rohani do Europy i Lewantu w okresie od 45 000 do 50 000 lat temu.

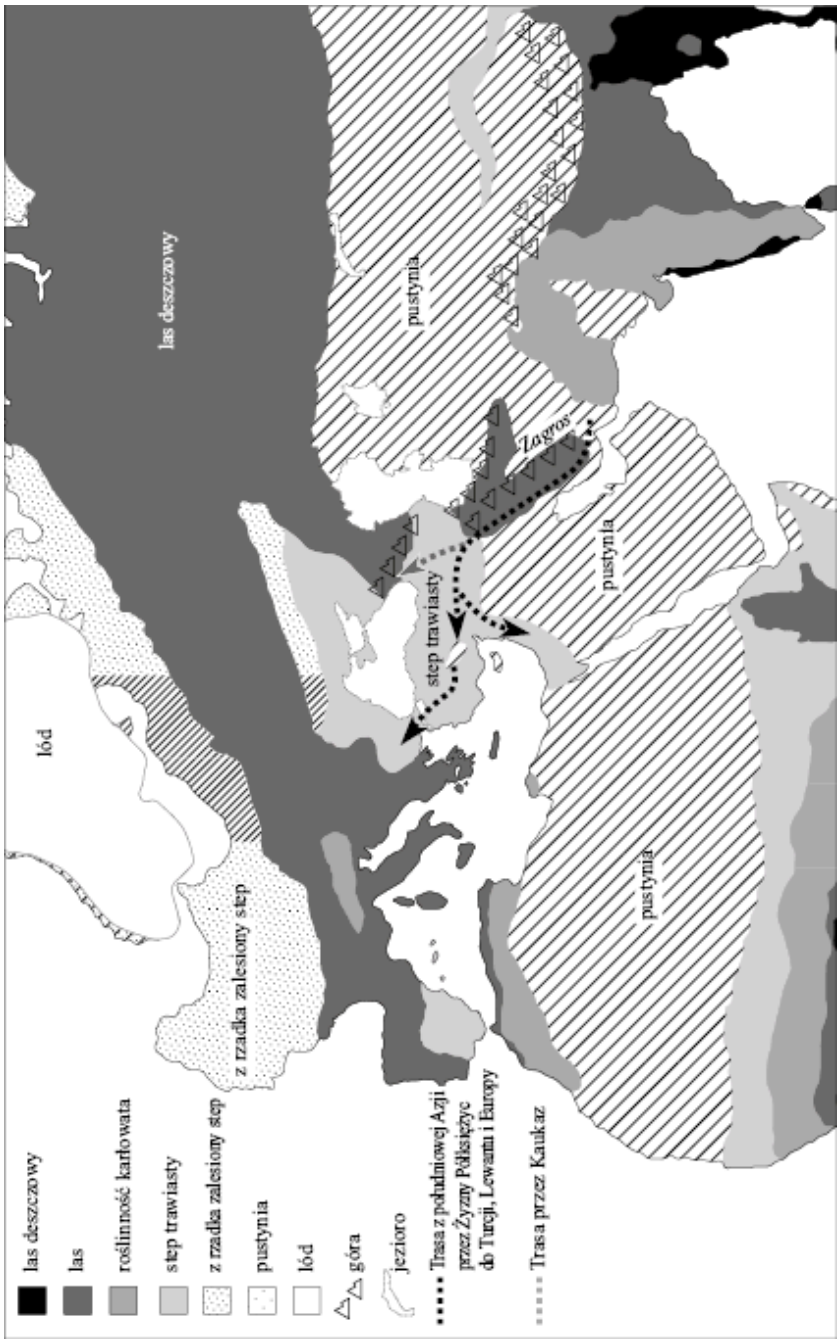
Jak zawsze, istniały klimatyczne przyczyny późnego skolonizowania Europy przez córki Nasreen z rejonu Zatoki Perskiej, czego możemy się dowiedzieć z wierceń dna morskiego u wybrzeży Indii w podmorskiej delcie Indusu. Jak zostało wcześniej wyjaśnione, przejście z Syrii do Oceanu Indyjskiego w okresie zlodowaceń zablokowała pustynia. Jednakże niemal dokładnie 50 000 lat temu nastąpiło krótkie, ale bardzo intensywne ocieplenie i zazielenienie Azji Południowej w lepszych niż dzisiaj warunkach monsunowych. Tę poprawę klimatu możemy wyśledzić, gdyż pozostawiła bogatą w węgiel warstwę w podmorskiej delcie Indusu[93]. Ponieważ był to krótki, trwający zaledwie kilka tysięcy lat okres ocieplenia, geologowie nazywają go raczej „interstadialnym” niż „interglacjalnym”, co nie zmienia wpływu, jaki wywarł na uśpiony Żyzny Półksiężyc w Iraku.

Otwarcie na krótko tego wąskiego, zielonego korytarza (rysunek 1.8) umożliwiło migrację z Zatoki Perskiej do Syrii i praprawnuczki azjatyckiej Ewy ruszyły na północ Żyznego Półksiężyca, do Lewantu (zob. rozdział 3). Linia genetyczna ujawnia prawdziwe południowoazjatyckie pochodzenie tych europejskich imigrantów: jak pokazuje drzewo genetyczne (rysunek 1.4), jedna gałąź Nasreen dotarła do północno-zachodniej Europy, a druga na wschód do Indii.

Ten obraz europejskich korzeni genetycznych w południowej Azji wypiera teorię północnego wyjścia z Afryki. Zmienia również całkowicie europocentryczne widzenie Europejczyków jako pierwszej pozaafrykańskiej kultury ludzi rozumnych. Dla bezpieczeństwa musimy zapytać, czy istnieje jakiś dowód archeologiczny sprzeczny z teorią wywodzącą pierwszych Europejczyków z Azji Południowej. Wydaje się, że nie ma żadnego, raczej wprost przeciwnie.

Najstarsze odkrycia archeologiczne w zachodniej Eurazji wskazują, że technologia górnego paleolitu nie ma więcej niż 47 000 lat. Belgijski archeolog Marcel Otte sprzeciwił się konwencjonalnej opinii, że przodkowie Europejczyków po opuszczeniu Afryki Północnej po drodze rozwinęli technologię górnego paleolitu. Zamiast tego wskazuje na góry Zagros, obecnie w autonomicznym regionie Kurdystanu, na północ od Zatoki Perskiej, jako na główny region technologiczny górnego paleolitu[94].

Sri Lanka, wówczas półwysep na południu Indii, jest miejscem niezwykłym, odwracającym koleje wpływów kulturalnych Wschodu i Zachodu. Wiarygodne dowody potwierdzają produkcję mikrolitów na Sri Lance 28 000 lat temu. Te malutkie, specjalistyczne ostrza kamienne pojawiły się w Europie i Lewancie dopiero 10 000 lat temu. Tymczasem pod ich pierwszą warstwą odkryto drugą datowaną na okres między 64 000 a 74 000 lat temu. Jeżeli te daty zostaną potwierdzone, będzie to niezbity dowód trasy wyjścia z Afryki około 70 000 lat temu[95].



Rysunek 1.8. Prowadzący do Europy korytarz Żyznego Półksiężyca. Około 50 000 lat temu nastąpiło ocieplenie i zwilgotnienie klimatu wystarczające do otwarcia zielonego korytarza (linie kropkowane) przez pustynię między Azją Południową i Turcją. Po raz pierwszy od okresu międzylodowcowego 75 000 lat temu ludzie rozumni mogli przejść do Lewantu, a potem do Europy.

PODSUMOWANIE

Kontrowersje archeologiczne i antropologiczne na temat naszego wyjścia z Afryki jako najpóźniejszego ludzkiego gatunku może uda się rozstrzygnąć dzięki zbadaniu nieprzerwanego śladu genetycznego linii naszej Ewy wstecz aż do pierwszych rozumnych Afrykanów. Dowód genetyczny pozwala zawęzić nasze spojrzenie i skupić uwagę dokładnie na ruchach naszych bezpośrednich przodków. W rezultacie widzimy jedynie jedną grupę ludzi opuszczających Afrykę ponad 70 000 lat temu. To fundamentalne odejście od konwencjonalnego ujęcia licznych wyjść z Afryki skupia wszystkie kolejne trasy migracji pozostałej historii ludzkości w jednym punkcie startowym pojedynczej trasy południowej. Pionierzy wyruszyli wzdłuż wybrzeża arabskiego do Zatoki Perskiej, gdzie założyli pierwszą kolonię ludzi zachodu, którzy mieli o wiele później skolonizować Europę. Podróż z Indii na wschód to już inna historia.

45 „Newsweek" z 11 stycznia 1988; Cann R.L. et al., *Mitochondrial DNA and human evolution*, „Nature" 1987, nr 325, s. 31–36. Drzewo naszkicowane przez Cann zostało dokładniej omówione w: Vigilant L. et al., *African populations and the evolution of human mitochondrial DNA*, „Science" 1991, nr 253, s. 1503–1507; ponownie o dalszych postępach afrykańskiej filogenezy, sugerujące pojedynczą linię wyjścia z Afryki, piszą: Watson E. et al., *Mitochondrial footprints of human expansions in Africa*, „American Journal of Human Genetics" 1997, nr 61, s. 691–704.

46 Watson E. et al., op. cit.; Richards M., Macaulay V., *The mitochondrial gene tree comes of age*, „American Journal ojHuman Genetics" 2001, nr 68, s. 1315–1320.

47 Pewna liczba drzew dla takich wykopalisk zawierających autosomalne jądrowe *loci*, każde z pojedynczą gałęzią wywodzącą się z Afryki, została już opisana: zob. np. Tishkoff SA et al., *Global patterns of linkage disequilibrium at the CD4 locus and modern human origins*, „Science" 1996, nr 271, s. 1380–1397; Alonso S., Armour J.A.L., *A highly variable segment of human subterminal 16p reveals a history of population growth for modern humans outside Africa*, „Proceedings of the National Academy of Sciences USA" 2001, nr 98, s. 864–869. Zob. także Wainscoat J.S. et al., *Evolutionary relationships of human populations from an analysis of nuclear DNA polymorphisms*, „Nature" 1986, nr 319, s. 491–493. Dla chromosomu Y jedna pojedyncza mutacja na afrykańskim drzewie (M168) określa wszystkie nieafrykańskie linie. Zob. Underhill P.A. et al., *Y chromosome sequence*

variation and the history of human populations, „Nature Genetics" 2000, nr 26, s. 358–361. Oznacza to, że wszyscy nieafrykańscy mężczyźni dziedziczą chromosom Y od jednego z trzech afrykańskich klanów, które przetrwały. Problem w tym, że jeden z tych trzech męskich klanów pierwszej generacji wywodzący się od M168, haplogrupy III definiowanej przez YAP, jest znajdowany zarówno w Afryce, jak i poza nią, podczas gdy dwa pozostałe są nieafrykańskie. Peter Underhill uważa linię YAP za wywodzącą się z Afryki, Mike Hammer zaś uznaje, że powróciła ona z Azji do Afryki (tak samo jak podgrupa mtDNA M1 ponownie dotarła do Etiopii). Zgadzam się z Hammerem – zob. dyskusję w rozdziałach 3 i 4.

48 Thomas M.G. et al., *Y chromosomes travelling south: The Cohen modal haplotype and the origins of the Lemba – the „Black Jews of Southern Africa"*, „American Journal of Human Genetics" 2000, nr 66, s. 674–686.

49 Geograficzny rozkład gałęzi i gałązek omawiają: Underhill P.A. et al., op. cit.; Richards M., Macaulay V., *Genetic data and colonization ol Europe: Genealogies and founders*, w: C. Renfrew, K. Boyle (red.), *Archaeogenetics: DNA and the Population Prehistory oj Europe*, MacDonald Institute for Archaeological Research, Cambridge 2000, s. 139–141. Szkielet dziecka w Portugalii omawiają Duarte C. et al., *The early Upper Paleolithic human skeleton from the Abrigo do LagarVelho (Portugal) and modern human emergence in Iberia*, „Proceedings of the National Academy of Sciences USA" 1999, nr 96, s. 7604–7609.

50 Dyskusja teoretyczna zob. Wall J.D., *Detecting ancient admixture in humans using sequence polymorphism data*, „Genetics" 2000, nr 154, s. 1271–1279. Praktyczny test z wynikiem negatywnym zob. Labuda D. et al., *Archaic lineages in the history of modern humans*, „Genetics" 2000, nr 156, s. 799–808.

51 Wainscoat J.S. et al., op. cit.; Richards M., Macaulay V., op. cit.

52 Underhill P.A. et al., op. cit.; zob. też przypis 3.

53 Niektóre informacje geograficzne, klimatyczne i dotyczące ssaków w tym akapicie zostały luźno nakreślone na podst.: Turner A., *Assessing earliest human settlement of Eurasia: Late Pliocene dispersions from Africa*, „Antiquity" 1999, nr 73, s. 363–370. Omówienie zmian geoklimatycznych na podstawie strony internetowej http://www.esd.ornl.gov/projects/qen/.

54 Przegląd dat w: McBrearty S., Brooks A.S., *The revolution that wasn't: A new interpretation of the origin of modern human behavior*, „Journal of Human Evolution" 2000, nr 39, s. 453–563, np. s. 455.

55 Te daty zależą od wyboru podejścia do datowania pierwszego przybycia ludzi rozumnych do Europy – wykopanych szczątków i narzędzi kamiennych; zob.

rozdziały 2 i 3. Na podstawie poprzednich danych niektórzy mogli datować kromaniończyków jako późniejszych.

56 Podczas gdy obecne dowody wskazują na zakończenie klęską tego pierwszego exodusu, istnieje inna interpretacja: jeżeli utrzymamy cofniętą w czasie datę najwcześniejszej kolonizacji Australii, pojawia się bardzo teoretyczna możliwość, że kolonizacja Izraela nastąpiła współcześnie z ruchem do Australii, lecz również zakończyła się lokalną klęską.

57 Vermeersch P.M. et al., *Middle Palaeolithic burial of a modern human at Taramsa Hill, Egypt*, „Antiquity" 1998, nr 72, s. 475–484.

58 Klein R.G., *The Human Career: Human Biological and Cultural Origins*, Chicago University Press 1989; zob. dyskusję w tym oraz w wydaniu z roku 1999 w rozdziale 2; Kingdon J., *Self-made Man – and His Undoing*, Simon & Schuster, London 199; Stringer C., *Coasting out of Africa*, „Nature" 2000, nr 405, s. 24–27; Stringer C., McKie R., *Afrykański exodus: pochodzenie człowieka współczesnego*, przeł. A.J. Tomaszewski, Prószyński i S-ka, Warszawa 1999; Vermeersch P.M. et al., op. cit.

59 Lahr M.M., Foley R., *Towards a theory of modern human origins: Geography, demography, and diversity in recent human evolution*, „Yearbook of Physical Anthropology" 1998, nr 41, s. 137–176. Pogląd o wielokrotnych migracjach powraca w nowszym artykule Lahr i Foleya napisanym wraz z genetykami: Underhill P.A. et al., *The phylo-geography of Y chromosome binary haplotypes and the origins of modern human populations*, „Annals of Human Genetics" 2001, nr 65, s. 43–62.

60 Kingdon J., op. cit.

61 Turner A., op. cit.

62 Richards M. et al., *Tracing European founder lineages in the Near Eastern mtDNA pool*, „American Journal of Human Genetics" 2000, nr 67, s. 1251–1276; Richards M., Macaulay V., op. cit.; Kivisild T. et al., *Deep common ancestry of Indian and western-Eurasian mitochondrial DNA lineages*, „Current Biology" 1999, nr 9, s. 1331–1334. Większość umieszczonych poniżej uwag odnosi się do tych pozycji (zob. także rozdział 3 i przypisy 4–6 w tym rozdziale).

63 Richards M. et al., op. cit.; Richards M., Macaulay V., op. cit.

64 Rando J.C. et al., *Mitochondrial DNA analysis of Northwest African populations reveals genetic exchanges with European, near-Eastern, and sub-Saharan populations*, „Annals of Human Genetics" 1998, nr 62, s. 531–550. Na temat

azjatyckiej supergrupy M nieobecnej od Europy po Środkowy Wschód i Północną Afrykę zob. np. Richards M., Macaulay V., op. cit.

65 Underhill P.A. et al., op. cit.; Tishkoff SA et al., op. cit.; Alonso S., Armour J.A.L., op. cit.; zob. także rozdziały 3 i 4. Warto zauważyć, że pierwsi genetycy wypowiadający się otwarcie za szlakiem południowym to: Quintana-Murci L. et al., *Genetic evidence for an early exit of Homo sapiens sapiens from Africa through eastern Africa*, „Nature Genetics" 1999, nr 23, s. 437–441. Ich analiza nie stawia bezpośrednio czoła problemowi europejskiemu (który z góry był uważany za późniejsze rozproszenie północne) i głównie odnosi się do azjatyckiej superhaplogrupy M, którą uważali za wywodzącą się z Etiopii – ja natomiast sądziłem, że pochodzi ona z Indii.

66 Wiek klastra L3 w Afryce był oryginalnie szacowany na 77 000 ± 2400 lat: Watson E. et al., *Mitochondrial footprints of human expansions in Africa*, „American Journal of Human Genetics" 1997, nr 61, s. 691–704. To oszacowanie wzrasta wraz z poprawą rozdzielczości drzewa wokół węzła L3; skalkulowałem bardziej aktualne oszacowanie za pomocą kompletnej sekwencji danych z: Ingman M. et al., *Mitochondrial genome variation and the origin of modern humans*, „Nature" 2000, nr 408, s. 708–713 na 83 000 lat (praca nieopublikowana), zastosowawszy w zasadzie tę samą metodę datowania z obliczaniem współczynnika *rho* przez uśrednianie nowych mutacji w linii żeńskiej – opis metody zob. Forster P. et al., *Origin and evolution of Native American mtDNA variation: A reappraisal*, „American Journal of Human Genetics" 1996, nr 59, s. 935–945; Saillard J. et al., *mtDNA variation among Greenland Eskimos: The edge of the Beringian expansion*, „American Journal of Human Genetics" 2000, nr 67, s. 718–726. To oszacowanie pokazuje również, że zarówno M, jak i N oraz afrykańskie gałęzie L3 i L1c dokonały ponownej ekspansji około 70 000 lat temu, prawdopodobnie w reakcji na ogólnoświatowe skutki wielkiego wybuchu Toby. Zob. także rozdział 2 i 4. Wiek L3 (83 000 lat) został niezależnie potwierdzony przez: Hill C. et al., *Mitochondrial DNA variation in the Orang Asli of the Malay Peninsula* (w druku).

67 Gabunia L. et al., *Earliest Pleistocene hominid cranial remains from Dmanisi, Republic of Georgia: Taxonomy, geological setting, and age*, „Science" 2002, nr 288, s. 1019–1025.

68 Rohling E.J. et al., *Magnitudes of sea-level lowstands of the past 500,000 years*, „Nature" 1998, nr 394, s. 162–165; Fenton M. et al., *Aplanktonic zones in the Red Sea*, „Marine Micropalaeontology" 2000, nr 40, s. 277–294.

69 Stringer umieszcza przypadki wielkiego południowo- i wschodnioazjatyckiego *Homo erectus* o wielkim mózgu, takie jak Dali, Maba, Narmada i Zuttiyeh, w jednej grupie z *Homo helmei,* co może sugerować przynajmniej jedno

dodatkowe wyjście południowym szlakiem między wyjściami *Homo erectus* i ludzi rozumnych: zob. Stringer C.B., *Current issues in modern human origins*, w: W.E. Meikle et al. (red.), *Contemporary Issues in Human Evolution*, California Academy of Sciences, San Francisco 1996, s. 115–134. Zob. także Foley R., Lahr M.M., *Mode 3 technologies and the evolution of modern humans*, „Cambridge Archaeological Journal" 1997, nr 7 (1), s. 3–36, rys 5. Pojawienie się w Indiach obu technologii: aszelskiej i środkowopaleolitycznej, kolejno w tym samym okresie mogło efektywnie zwiększyć ich liczbę do czterech.

70 Gabunia L. et al., op. cit.

71 Foley R., Lahr M.M., op. cit. Kontynuując praktykę z prologu, używam terminu *Homo helmei* luźno w celu odróżnienia archaicznego *Homo sapiens* od ludzi współczesnych (rozumnych). Ten termin nie zdobył sobie powszechnej akceptacji. Zob. także następny przypis.

72 Stringer C.B., op. cit. Podsumowanie, które tu podałem, jest zbyt uproszczone. Szczegóły kladystycznych pokrewieństw, nazw i wieku późnych wielkomózgich ludzi żyjących między 130 000 i 500 000 lat temu są nadal dyskutowane. Dla naszych rozważań istotne jest to, że choć inaczej wyglądali i byli mocniejsi i bardziej z gruba ciosani niż ludzie współcześni, mieli mózgi podobnych rozmiarów i przypominali nas bardziej niż poprzednie istoty ludzkie. Sprawa dyskutowana dalej w: McBrearty S., Brooks A., op. cit.; Foley R., Lahr M.M., op. cit.

73 Mishra S., *The chronology of the Indian stone age: Impact of recent absolute and relative dating attempts*, „Man and Environment" 1995, nr 20(2), s. 11–17; Acharya S.K., Basu P.K., *Toba ash on the Indian subcontinent and its implications for correlation of Late Pleistocene alluvium*, „Quaternary Research" 1993, nr 40, s. 10–19.

74 Acharya S.K., Basu P.K., op. cit. Data takiej przemiany może nie być dokładnie równa 74 000 lat temu: zależy to od dokładnej stratygraficznej analizy pokładów. Acharya i Basu dali tej jednostce stratygraficznej szeroki margines, określając ją jako „późny plejstocen", od 40 000 do 100 000 lat temu.

75 McKie R., *Ape-man*, BBC Worldwide, London 2000.

76 Zob. omówienie datowania w: McBrearty S., Brooks A., op. cit. Najgłębsza gałąź drzewa mtDNA (190 000 lat temu, zob. diagram) znajduje się między L1a, znalezioną w San w południowej Afryce, i pozostałymi grupami. Jest to zgodne z izolacją i separacją grup podczas szóstego interstadium oraz przetrwaniem tylko dwóch gałęzi w tym czasie, prawdopodobnie w południowej i wschodniej Afryce.

77 Oppenheimer S., *Eden in the East: The Drowned Continent of Southeast Asia*, Weidenfeld & Nicolson, London 1998.

78 Caton-Thompson G., *The Tombs and Moon Temple of Hureidha (Hadhramaut)*, Oxford University Press/The Society of Antiquaries 1944.

79 Podstawą życia jest zbieranie tego, co morze wyrzuciło na brzeg. Styl życia nierzadki na wyspach Pacyfiku (przyp. tłum.).

80 Walter R.C. et al., *Early human occupation of the Red Sea coast of Eritrea during the last interglacial*, „Nature" 2000, nr 405, s. 65–69. Rzeczywiste datowanie plasuje się między 118 000 i 132 000 lata temu.

81 *Beach-buggy* to lekki samochód terenowy do jazdy po piasku (przyp. tłum).

82 Watson R.C. et al., op. cit., oryginalne oszacowanie ekspansji poza Afrykę na 60 000–80 000 lat temu (por. jednak przypis 22; średni wiek L3 może wynosić 83 000 ± 6000) lat. Potwierdzenie oszacowania L3 wynoszącego 83 000 lat inną metodą – zob.Hill C. et al., *Mitochondrial DNA variation in the Orang Asli of the Malay Peninsula* (w druku) (wiek L3 to 83 500 ± 8400 lat).

83 Rohling E.J. et al., op. cit.; Fenton M. et al., op. cit.

84 Zob. Dansgaard W. et al., *Evidence for general instability of past climate from a 250-kyr ice-core record*, „Nature" 1993, nr 364, s. 218–220.

85 Rohling E.J. et al., op. cit.; Fenton M. et al., op. cit.

86 Rohling E.J. et al., op. cit.; Fenton M. et al., op. cit.

87 *Globigerinoides sacculifer*, zob. ibid.

88 Schultz H. et al., *Correlation between Arabian Sea and Greenland climate oscillations of the past 110,000 years*, „Nature" 1998, nr 393, s. 54–57.

89 Majid Z., *Radiocarbon dates and culture sequence in the LenggongValley and beyond*, „Malaysia Museums Journal" 1998, nr 34, s. 241–249.

90 Kivisild T. et al., *A likely post-LGM impact of Western Asian maternal lineages to Eastern Africans*, Cold Spring Harbour Symposium on Human Origins & Disease, New York 2000.

91 Kivisild T. et al., *The place of the Indian mitochondrial DNA variants in the global network of maternal lineages and the peopling of the Old World* w: S.S. Papiha et al. (red.), *Genomic Diversity: Applications in Human Population Genetics*, Kluwer Academic/Plenum, New York 1999, s. 135–152; Redd A.J., Stoneking M., *Peopling of Sahul: mtDNA variation in aboriginal Australian and*

Papua New Guinean populations, „American Journal of Human Genetics" 1999, nr 65, s. 808–828; Kivisild T. et al., *The genetic heritage of the earliest settlers persists both in Indian tribal and caste populations*, „American Journal of Human Genetics" 2003, nr 72, s. 313–333. Równy i starszy wiek oszacowano w Chinach dla dwóch pierwotnych pochodnych klanu N: B, 74 600 ± 18 700 lat temu, i R9, 81 400 ± 24 600 lat temu; zob. Yong-Gang Yao et al., *Phylo-geographic differentiation of mitochondrial DNA in Han Chinese*, „American Journal of Human Genetics" 2002, nr 70, s. 635–651.

92 Dla azjatyckich potomków zob. Kivisild T. et al., op. cit.; Yong-Gang Yao et al., op. cit. Dla australijskich potomków zob. Redd A.J., Stoneking M., op. cit.

93 Schultz H. et al., op. cit.

94 Nie więcej niż 47 000–50 000 lat, zależnie od skorygowania dat radiowęglowych – zob. rozdział 3. Otte M., *The Aurignacian in Asia* (w druku), cyt. za m.in.: Olszewski D.I., Dibble H.L., *The Zagros Aurignacian*, „Current Anthropology" 1994, nr 35(1), s. 68–75; Otte M., *The history of European populations as seen by archaeology*, w: C. Renfrew, K. Boyle (red.), *Archaeogenetics: DNA and the Population Prehistory of Europe*, MacDonald Institute for Archaeological Research, Cambridge 2000, s. 139–141.

95 Joshi R.V., *South Asia in the period of Homo sapiens sapiens up to the beginnings of food production (Upper Palaeolithic and Mesolithic*, w: S.J. De Laet (red.), *The History of Humanity*, t. 1, Routledge, London 1994, s. 256–258; Deraniyagala S.U., *Prehistory of Sri Lanka*, Department of Archaeological Survey, Government of Sri Lanka 2001, s. 685–702.

Rozdział 2

Kiedy staliśmy się ludźmi rozumnymi?

Zaściankowa obsesja Europejczyków na punkcie ich przeszłości i supremacji paleolitycznej kultury materialnej prowadziła w poprzednich wiekach do aroganckich założeń. Mówiąc z grubsza, założyliśmy, że byliśmy (też jestem Europejczykiem) pierwszymi, którzy zaczęli myśleć symbolicznie i abstrakcyjnie, a także pierwszymi, którzy zaczęli mówić, malować, rzeźbić, ubierać się, tkać i wymieniać towary.

W rozdziale 1 sugerowałem, że fałszywie uznajemy te umiejętności za nieosiągalne dla naszych afrykańskich przodków, czemu towarzyszy mylne przekonanie, iż Lewantyńczykom i Europejczykom początek dało opuszczenie Afryki trasą północną, natomiast migracja trasą południową zrodziła Australijczyków i Azjatów. Ten pogląd zostaje podważony, jeżeli zaakceptujemy dowody, że Europejczycy i inne zachodnie linie genetyczne wyrosły z wczesnych odgałęzień jednej południowoazjatyckiej grupy rodzinnej, która rozprzestrzeniła się na cały świat pozaafrykański. W rozdziale 1 dowodziłem, że chęć obdzielenia Europy i Lewantu chwałą początku „nadchodzącej ery" ludzi rozumnych przesłaniała inne ważne sposoby widzenia prehistorii Wschodu i Zachodu.

Genetyczny dowód, że ludzie rozumni, wyłoniwszy się z Afryki, pozostawili w „ojczyźnie" członków własnego plemienia, którzy dali życie potomkom „w pełni rozumnym" we wszelkim znaczeniu tego pojęcia i nadal żyjącym w Afryce, ma istotne konsekwencje

podważające dotychczasowe zachodnie spojrzenie na Afrykanów. Choć niebezpieczeństwa wynikające z takiego widzenia świata są oczywiste, sposób patrzenia niektórych europejskich archeologów pozostaje niezmieniony.

WYJŚCIE Z AFRYKI KONTRA HIPOTEZA MULTIREGIONALNA

Archeolodzy nadal twierdzą, że liczba wrodzonych i podstawowych ludzkich zachowań wyraźnie odróżnia pierwszych rozumnych Europejczyków od ich europejskich neandertalskich kuzynów oraz w równej mierze od ich bezpośrednich przodków w Afryce. Być może jednym z powodów podkreślania tego odróżnienia jest chęć utrzymania multiregionalnej hipotezy ludzkiego pochodzenia oraz twierdzenia, że nie jesteśmy potomkami neandertalczyków. W tych argumentach *implicite* tkwi nie tylko założenie, że rozumni Europejczycy (ludzie z Cro-Magnon) jako pierwsi rozwinęli i przekazali nowe umiejętności następnym pokoleniom, lecz także uznanie neandertalczyków za niezdolnych do tego z jakiegoś biologicznego powodu. Rozwijanie tego typu argumentacji może sugerować, że również afrykańscy przodkowie ludzi rozumnych z Cro-Magnon nie mieli wystarczających zdolności do rozwinięcia technologii górnego paleolitu. Innymi słowy, Europejczycy byli pierwszymi zdolnymi do mówienia, malowania i rzeźbienia, musimy więc założyć, że później w jakiś sposób nauczyli tego Afrykanów i Australijczyków (nie wspominając o Azjatach). Teraz muszę przyznać, że nie rozumiem tego, co napisałem, ale tego rodzaju przekaz dociera do mnie z niektórych nawet najnowszych publikacji. Zanim przystąpię do rozważenia zewnętrznych dowodów obalających ten europocentryczny punkt widzenia, przyjrzę się przyczynom, które mogły wywołać tak spaczony obraz.

Problem zrodził się w roku 1856, kiedy odkryto pierwszą czaszkę neandertalczyka. Neandertalczyków od razu zaczęto wyśmiewać jako tępe osobniki o krzaczastych brwiach. Ten obraz został nakreślony w roku 1921 w krótkim opowiadaniu *Straszny lud* (*The Grisly Folk*)

popularnego pisarza science fiction H.G. Wellsa, który pokazał ich, w przeciwieństwie do rozumnych i wymownych ludzi z Cro-Magnon, jako pochrząkujące i zgarbione potwory. Wysiłki zrehabilitowania neandertalczyków jako potencjalnie nam równych kuzynów nigdy nie przyniosły całkowitego sukcesu, ponieważ nawet ich apologeci konsekwentnie lekko ich potępiali, a filmy wciąż pokazywały ich wygląd zewnętrzny, nie wspominając o wielkości mózgu.

W rezultacie wciąż uznajemy neandertalczyków za lud pośledniejszego gatunku, a eksperci nadal podkreślają dostrzeżone różnice kulturowe. Porównanie dowodów ich kultury materialnej z osiągnięciami im współczesnych pierwszych rozumnych Europejczyków zdaje się potwierdzać nasze przesądy. Ludzie rozumni przyozdabiali malunkami ściany jaskiń, a nawet siebie samych, czego śladów nie znajdujemy u neandertalczyków. Ludzie rozumni wytwarzali niekamienne wyroby z kości, muszli i rogów, i rzeźbili z tych materiałów figurki, czego nie sposób się doszukać u neandertalczyków. Takie przedmioty wędrowały setki kilometrów przez Europę, ujawniając istnienie swego rodzaju handlu lub wymiany, czego śladów nie widzimy u neandertalczyków. Jak to się mogło zdarzyć, że neandertalczycy nawet nie używali tych materiałów? Współpraca na wielkie odległości zdaje się uzupełniać dowody służące do poparcia tezy, że ludzie rozumni mieli bardziej rozbudowaną i skomplikowaną organizację społeczną niż neandertalczycy. Przedstawia się ich jako żyjących w osiadłych niewielkich grupach i pozbawionych intelektualnych możliwości adaptacji do zmieniających się warunków – choć Clive Gamble wskazuje, że egzotyczne kamienie specjalnie stosowane do rozbijania innych wędrowały na odległość 300 kilometrów w całej Europie jeszcze przed okresem górnego paleolitu[96]. Ludzie rozumni urządzali paleniska i grzebali zmarłych, co nie było typową cechą kultury neandertalskiej. Ostatecznie, patrząc na liczne i trwałe przekazy z przeszłości w postaci kamiennych narzędzi, łatwo spostrzegamy różnicę między neandertalczykami i ludźmi rozumnymi. Ci ostatni wytwarzali *ostrza* – odłupki z kamiennego rdzenia ponad dwa razy dłuższe niż szersze.

Ludzi z Cro-Magnon, pierwszych rozumnych Europejczyków, wyobrażamy sobie jako „śpiewających i tańczących” w przeciwieństwie do tępych, bydlęcych i niezdolnych do zmiany neandertalczyków. Dlaczego? Standardową, od dawna uznawaną odpowiedzią jest stwierdzenie biologicznej wyższości, przynajmniej pod względem budowy mózgu. Uznajemy większą siłę fizyczną neandertalczyków, a znaczna grubość ich kości w porównaniu z naszymi szkieletami uzasadnia przeciwstawienie mięśni umysłowi. Stopień rozbieżności i różnic kulturowych tych dwóch grup ludzkich posłużył do wzmocnienia poglądu o biologicznych podstawach nadejścia wieku nowoczesnych Europejczyków jako istot świadomych, ale w tej argumentacji mało jest logiki.

Co jeszcze możemy powiedzieć o naszych kuzynach? Wśród zauważalnych cech odróżniających ludzi od zwierząt wymienia się zdolność do abstrakcyjnego, symbolicznego myślenia i mowę. Czy możemy stwierdzić, że neandertalczycy byli „pozbawieni mowy” – innymi słowy „niemi”? Takim spekulacjom nie położył kresu nawet fakt, że mieli „kość mowy” (kość gnykową) bardzo podobną do kości gnykowej ludzi rozumnych. Istnieje nawet powszechna opinia, że nowe umiejętności charakterystyczne dla współczesnych Europejczyków, w tym mowę, zawdzięczamy pewnemu genowi lub genom, które wskoczyły do naszego zespołu genów 40 000–50 000 lat temu (zob. prolog).

Pierwsze i rzeczywiście *najbardziej* spektakularne odkrycia wczesnej ludzkiej kreatywności (sztuki i technologii z górnego paleolitu z grubsza sprzed 18 000–35 000 lat) zostały dokonane w Europie, to znaczy w rejonie, gdzie archeologia się rozpoczęła i skąd przez ostatnie 150 lat pochodziła większość archeologów. Wszystkim nam jest znane niezwykłe piękno, realizm i zdolność postrzegania widoczne w malarstwie z jaskiń w Lascaux i z jaskini Chauveta na południu Francji. Wydaje się, że olbrzymie zadziwienie artystyczną eksplozją w końcu europejskiej epoki kamienia (zwanej również europejskim górnym paleolitem) powoduje podświadome uznanie tego zjawiska za znak nadchodzącej ery człowieka rozumnego. Niektórzy ujmują to prościej, twierdząc, że anatomicznie współcześni ludzie, których szczątki sprzed 130 000 lat znajdujemy

w Afryce, być może tylko na takich wyglądali, ale jeszcze nimi w pełni nie byli[97].

Zgodnie z radykalnym poglądem, jeżeli rozumni Europejczycy w okresie wypoczwarzania się dali tak wspaniały pokaz geniuszu, musiała istnieć po temu biologiczna przyczyna (determinanta genetyczna) poprzednio ukryta i oczekująca gdzieś w głębi naszej konstrukcji. Jednakże tego rodzaju argumentacja prowadzi do niebezpiecznego wniosku, że przodkowie Afrykanów i Australijczyków mogli być biologicznie gorzej rozwinięci od przodków Europejczyków.

Stop! Co też mówimy? Czyż nie przypomina to sytuacji, gdy miejski cwaniaczek gdzieś na zapadłej wsi zwraca się do ludzi: „Wy wiejscy prostaczkowie jesteście przeżytkami, biologicznymi prymitywami" lub historyk głosi, że inwencja pisarska, rewolucja rolnicza i przemysłowa oraz powstanie notacji muzycznej są rezultatami nowych genów? Przyszli historycy, porównując wyrafinowanie stylu życia i dominację krajów zachodnich z kulturami epoki kamiennej na Papui-Nowej Gwinei, mogliby nierozważnie przypisać te kontrasty jakimkolwiek przyczynom biologicznym.

Wielu z nas, być może większość, karmi się niewypowiedzianym poczuciem oczywistej niższości innych grup wobec nas. Do tego stopnia, że amerykański biolog Jared Diamond czuł się zobowiązany do powiedzenia tego wprost. Napisał swój bestseller *Strzelby, zarazki, maszyny*[98], aby wytłumaczyć, że historyczne zdarzenia i okoliczności są bardziej prawdopodobną przyczyną nierówności w rozwoju i globalnej pozycji społeczeństw niż jakiekolwiek wrodzone różnice intelektualne między nimi. Chciał na przykład pokazać, dlaczego niewielkie oddziały konkwistadorów potrafiły zniszczyć ludne prekolumbijskie cywilizacje obu Ameryk.

PYTANIE YALEGO

Na początku książki Diamond umieścił pytanie, jakie mu zadał Yali, wybitny i popularny wódz jednego z ostatnich na świecie

społeczeństw kultury neolitycznej na północnym wybrzeżu Nowej Gwinei. Yali zapytał, „Dlaczego, wy, biali, wytworzyliście i przywieźliście na Nową Gwineę tyle «towaru», podczas gdy my czarni wytworzyliśmy go tak mało?" („towar" w kontekście użytym przez Yalego oznaczał „dobra importowane", jak worki australijskiego ryżu, lodówki i inne towary luksusowe). Yali nie był przeciętnym wieśniakiem. Nie był też przeciętnym człowiekiem i spędził znaczną część życia, borykając się z wnioskami z tak postawionego pytania w magiczno-religijnej perspektywie własnej kultury. Wywarł wrażenie na Diamondzie, który uznał go za wyjątkowo spostrzegawczego, dociekliwego i inteligentnego.

Yali był przez pewien czas przywódcą kultu cargo, jednego z najpopularniejszych i najbardziej rozpowszechnionych na Nowej Gwinei (istotą kultu cargo jest wiara, że rozmaite przedmioty są darem niebios; przywożące je samoloty to wysłannicy bogów). Fenomen ten budził zainteresowanie wielu uczonych; napisana przez australijskiego antropologa Petera Lawrence'a książka *Road Belong Cargo* (*Droga do Cargo*) jest najlepszym znanym opisem kultów cargo. Trzy jej rozdziały są poświęcone Yalemu i jego własnym wciąż zmieniającym się wyznaniom.

Udało mi się uzyskać osobistą relację o Yalim od kogoś, kto znał go lepiej niż inni. Na początku lat osiemdziesiątych XX wieku pracowałem jako lekarz w rodzimej prowincji Yalego Madang na Nowej Gwinei. Przez pewien czas sam byłem pacjentem, dzieląc pokoik w prowincjonalnym szpitalu ze starym, wyniszczonym australijskim plantatorem o wyrazistych rysach. Mo Johnson był diabetykiem mieszkającym na stałe na oddziale szpitalnym od czasu, gdy odkrył, że dzięki statusowi weterana wojennego ma opłacone wszystkie wydatki medyczne i koszty wyżywienia. Czarujący i psotny staruszek nie miał nic na własność oprócz krótkofalówki, którą do pasji doprowadzał samoańską siostrę oddziałową. Opowiedział mi swoją historię. Twardogłowy prowincjusz o niewyparzonej gębie, zwracając się do Nowogwinejczyków, nie potrafił użyć innych słów prócz rasistowskich epitetów. Było to dziwaczne, zważywszy na towarzystwo, z jakim utrzymywał kontakty; obok jego łóżka

przewijał się strumień odwiedzających przyjaciół, wyłącznie Nowogwinejczyków.

Był jednym z kilku żyjących członków legendarnego oddziału „zwiadowców wybrzeża" – ludzkich kretów, zagrzebanych w pokrytych dżunglą stokach wybrzeży wysp południowego Pacyfiku podczas II wojny światowej. W większości oddział składał się z byłych plantatorów, którzy na ochotnika pozostali po japońskiej inwazji, aby przez radio przekazywać wiadomości o ruchach nieprzyjacielskich oddziałów, samolotów i okrętów. Uznano, że w bitwie na Morzu Koralowym odegrali decydującą rolę. Większość zwiadowców została zabita, zmarła na skutek chorób lub została schwytana i zginęła w obozach.

Bohater wojenny Mo zawdzięczał życie Yalemu, co jest kluczem tej anegdoty. Yali był bowiem „tubylczym pomocnikiem" Mo i utrzymał go przy życiu podczas wojny, a nawet wyrwał go z japońskiego obozu jeńców wojennych i prowadził 300 kilometrów przez gęstą dżunglę i bagna z powrotem do Madangu. Po wojnie Yali, teraz również bohater, został uznany przez brytyjską administrację za charyzmatycznego przywódcę i nagrodzony. Jednakże stosunki wkrótce się popsuły, gdy przedstawiciele administracji uświadomili sobie, że mają do czynienia z Mesjaszem, a nie marionetką. Jak powiedział mi Mo, a potwierdził Peter Lawrence w swojej książce, postanowili go dla przykładu poniżyć. Wsadzili go więc do więzienia. I wtedy Mo powiedział coś charakterystycznego, nieświadomie ujawniając stosunki i język własnej kultury i odsłaniając swą głęboką szczerość. Wyznał mi: „Steve, przez to, że zamknęli go w więzieniu, złamali mu serce, a on był najlepszy. Był lepszy od nich. On był prawdziwym białym człowiekiem". Australijczycy zapewnili mnie, że w tej wypowiedzi nie było śladu rasizmu!

Yali nie był ani białym człowiekiem, ani Australijczykiem. Z relacji Diamonda i Lawrence'a jasno wynika, że cechowało go inteligentne dochodzenie do prawdy, ale z niewielką wiedzą i jako reprezentant wyobcowanej kultury nie był w stanie sam odpowiedzieć na pytanie, które zadał Jaredowi Diamondowi. Na Nowej Gwinei nie produkowano lodówek, więc skąd miał wiedzieć, jak się je robi? Pytanie Yalego dotyczyło w istocie wszystkich luksusowych towarów,

regularnie przywożonych dla białych kolonistów przez statki dobijające do przystani w Madangu. Wyznawcy kultu cargo, z Yalim na czele, byli przekonani, że przedmioty te powstawały dzięki sekretnej magicznej formule znanej tylko białym. Pomimo swoich osobistych zdolności i nieprzeciętnego intelektu nie potrafił uwolnić się od magiczno-religijnego, kulturowego zaplecza, które ograniczało jego wiedzę i czyniło niezdolnym do zrozumienia mechanizmów gospodarki rolniczej i przemysłowej działającej gdzieś hen za oceanem. Istotę kultu cargo często wyjaśnia się „brakiem wiedzy o środkach produkcji", ale to zbytnie uproszczenie problemu Yalego, gdyż wszyscy wiemy, że wiedza nie powoduje automatycznego pokonania wiary w „siły nadprzyrodzone".

Ludzie z wybrzeża Madangu są doskonałymi ogrodnikami. Każdy hoduje około trzydziestu gatunków taro (jadalnych bulw) wespół z innymi roślinami, w połączeniu, które nawiasem mówiąc, zabezpiecza plantacje przed rdzą zbożową. Pomimo tych umiejętności Nowogwinejczycy wierzą, że ich sukces nie jest prostym wynikiem nauki i doświadczenia, ale zależy od właściwego zastosowania magii podczas sadzenia i wzrostu roślin. Jak zauważył Peter Lawrence, myślą, że nieudane zbiory są wynikiem raczej błędów podczas magicznych rytuałów niż marnych umiejętności ogrodniczych. Tak czy inaczej, każdy wie, jak uprawiać taro! Z nowogwinejskiego punktu widzenia wszystkie umiejętności kulturowe oznaczały posiadanie „ekspertów" znających właściwe stosowanie magii. Takie przekonanie o przewadze magii nad środkami produkcji w sposób nieunikniony rozszerzało się na importowane egzotyczne towary, których sposób i środki produkcji pozostawały nieznane i niejasno pojmowane. Musiały one być produktem magii. Podjęte przez Yalego usiłowania przejęcia lub skopiowania magii białych ludzi były skazane na niepowodzenie, czego nie potrafił sobie uświadomić, gdyż założył, że koloniści strzegą sekretu, od którego zależy ich byt. Ze swej strony koloniści uważali Yalego i jego wyznawców za głupców i łotrów. Ani jedni, ani drudzy nie mieli racji.

NIE SĄDŹ LUDZI PO ICH KULTURZE MATERIALNEJ

A co to wszystko ma wspólnego z pochodzeniem pierwszych rozumnych Europejczyków? Cóż, nawet niektórzy badacze prehistorii nadal popełniają codzienny błąd osądzania potencjału ludzkiego na podstawie narzędzi, produktów i „rozwoju kulturalnego". Popełniają go, porównując „nowoczesnych" ludzi z Cro-Magnon ze „starodawnymi" neandertalczykami, gdyż skupiają uwagę na wielkiej różnicy kultury materialnej nowo przybyłych i dawnych mieszkańców. Niemal nieświadomie powtarzają ten błąd, porównując kromaniończyków z anatomicznie współczesnymi ludźmi, zamieszkującymi Afrykę przez poprzednie 100 000 lat.

Jak zobaczyliśmy, ludzie rozumni skolonizowali Azję i Australię wcześniej niż Europę. Ich potomkowie nadal żyją w tych regionach i mają wszelkie powody, by nie cierpieć eurocentrycznego spojrzenia Europejczyków, którzy nie tylko pierwsi weszli w epokę przemysłową, ale mieli również stać się pierwszymi „prawdziwymi ludźmi". Słabość tej wizji jest oczywista: w Europie mamy tak wiele dowodów chwały z okresu górnego paleolitu, gdyż tu właśnie najintensywniej ich szukano. Większe trudności znajdowania dowodów wcześniejszych form artystycznych w Afryce wynikają z upływu czasu, zachowanego stanu i specyficznych typów jaskiń. Żadne dzieła sztuki nie trwają wiecznie i na eksponowanych powierzchniach mogą nie przetrwać tylu wieków.

Dlaczego więc neandertalczycy są „niemi" i czemu porównanie technologii to nieodpowiednia metoda? Możemy najpierw zapytać, czy w tych samych sprzyjających okolicznościach osiągnęliby to samo co ludzie rozumni. Wedle powszechnej opinii byli ciągłymi przegranymi. Rozprzestrzenili się po całej Europie. Przez grubo ponad 200 000 lat przystosowywali się do lokalnych warunków i zimna, a jednak nie zdołali dotrzeć do najchłodniejszych obszarów w przeciwieństwie do nowo przybyłych ludzi rozumnych, którzy w stosunkowo krótkim czasie z sukcesem zaadaptowali się do wszelkiego rodzaju zimnych obszarów. Jednakże można wysunąć argument, że ludzie rozumni mieli szczęście, wszędzie bowiem trafili

na warunki sprzyjające rozwijaniu techniki i kultury. Czy zawsze wykonywali narzędzia inaczej i lepiej od neandertalczyków? Innymi słowy, czy patrząc na anatomicznie współczesnych ludzi przed ich wkroczeniem do Europy i kolonizacją przez nich reszty świata, rzeczywiście znajdziemy sprzyjające im warunki, jakich byli pozbawieni inni praludzie w tych samych rejonach w tym samym czasie? W większości przypadków odpowiedź jest negatywna.

ANATOMICZNIE WSPÓŁCZEŚNI AFRYKANIE I RODZAJE KAMIENNEJ TECHNOLOGII

Anatomicznie współcześni ludzie istnieją od około 130 000 lat. Zapewne przez pierwsze 100 000 lat w większości wytwarzali i stosowali narzędzia tej samej klasy co neandertalczycy. Technologia ich wytwarzania była już procesem wymyślnym i wieloetapowym. Ogólnie nazywana technologią środkowego paleolitu, została zapoczątkowana dobrze ponad 200 000 lat temu przez afrykańskiego *Homo helmei*, prawdopodobnego wspólnego przodka naszego i neandertalczyków (zob. rozdział 1). Zamieszanie powoduje fakt, że paleolityczne narzędzia kamienne pochodzące z różnych miejsc są różnie nazywane. Pochodzące z Europy, Afryki Północnej i Lewantu są nazywane mustierskimi od nazwy miejscowości Le Moustier we Francji, gdzie ich pierwsze przykłady zostały znalezione wraz ze szczątkami *Homo heidelbergensis* i neandertalczyków. Takie narzędzia z subsaharyjskiej Afryki zaliczamy do środkowej epoki kamiennej[99].

Być może najbardziej charakterystyczną cechą środkowego paleolitu było zmniejszenie rozmiarów narzędzi, użycie trzonków i przygotowywanych rdzeni kamiennych, od których narzędzia były odłupywane. W poprzednim okresie, liczącym ponad milion lat, afrykański *Homo erectus* zwykle wytwarzał wielkie topory, nadając ostrzu kształt lub obłupując je z obu stron, a to, co pozostało z rdzenia lub odłupka, stawało się ukończonym toporem. W środkowej epoce kamienia przeciwnie: najpierw staranie

przygotowywano specjalnie ukształtowany rdzeń (techniką, która pojawiła się wcześniej, być może około 350 000 lat temu), od którego potem odłupywano szereg narzędzi. Następnie ostatecznie dostosowywano kształt narzędzi, zachowując ostrą i starannie zaprojektowaną krawędź[100]. Odłupek można było przymocować do trzonka, co czyniło z niego bardziej użyteczne narzędzie.

Z kilkoma wyjątkami (omówionymi na stronach 138–142) rozumni Afrykanie tak na północ, jak i na południe od Sahary wytwarzali i wykorzystywali narzędzia ze środkowej epoki kamienia (i wcześniejszych okresów) aż do około 50 000 lat temu. Jak widzieliśmy w rozdziale 1, pierwsi rozumni Afrykanie, jacy opuścili kontynent, założyli kolonie na północy Sahary z zewnętrznymi placówkami w Lewancie. Działo się to w okresie od 90 000 do 125 000 lat temu, lecz trwało krótko i zakończyło się niepowodzeniem. Jak można się było spodziewać, imigranci z Afryki Północnej używali narzędzi ze środkowego paleolitu, tak samo jak neandertalczycy, którzy wcześniej opuścili Afrykę, oraz ci, którzy wkrótce mieli ponownie zasiedlić Lewant.

MIGRUJĄCY LUDZIE UŻYWALI PODOBNEJ TECHNOLOGII

Jak podkreślam, powinniśmy oczekiwać, że pierwsi rozumni ludzie emigrujący z Afryki ponad 100 000 lat temu używali głównie technologii środkowego paleolitu, gdyż nie mamy żadnych dowodów powstania istotnie nowej technologii w Afryce Północnej i Wschodniej w tym czasie. W miejscu plażowego zbieractwa u ujścia Morza Czerwonego – gdzie, jak ostatecznie uważam, nastąpiło wyjście ludzi rozumnych – znaleziono narzędzia ze środkowego paleolitu sprzed 125 000 lat, ale bez szczątków ludzkich pozwalających zidentyfikować tych, którzy je wytworzyli.

To samo można powiedzieć o narzędziach naszych bezpośrednich przodków, którzy wyemigrowali do Azji. Narzędzia środkowego paleolitu najpierw pojawiły się w Indiach około 150 000 lat temu, co

ewidentnie łączy się z ostatnim ciepłym okresem międzylodowcowym sprzed 125 000 lat. Podane daty oznaczają, że albo te narzędzia pochodzą od *Homo helmei*, albo ludzie rozumni dotarli do Indii wcześniej, niż sądzono. W każdym razie jedynym fragmentem ludzkiego szkieletu z okresu od 100 000 do 200 000 lat temu znalezionym w Indiach jest czaszka z Narmady, która bezsprzecznie nie jest czaszką człowieka rozumnego, co sugeruje pierwszą możliwość[101].

Najstarszym niepodważalnym dowodem obecności ludzi rozumnych w Azji Południowo-Wschodniej jest czaszka z jaskini Niah na Borneo sprzed ponad 50 000 lat leżąca na wyrobach środkowego paleolitu z typowej środkowopaleolitycznej indyjskiej kultury Soan[102]. Ponieważ dowody genetyczne mówią nam, że pojedyncza migracja dała początek wszystkim nie-Afrykanom, oznacza to generalne stwierdzenie, iż pierwsi rozumni emigranci z Afryki, przekraczając Morze Czerwone, wciąż używali środkowopaleolitycznych narzędzi (tzn. podobnych do używanych przez neandertalczyków). Co ciekawe, w Azji Południowo-Wschodniej, oprócz jednego raportu z jaskini Niah i kilku innych przykładów, większość znalezisk paleolitycznych z tego regionu pokazuje regresję, co stanowi ponowne ostrzeżenie przed budowaniem historii na podstawie wiedzy o technologii. Potem Azja Południowo-Wschodnia na długi czas ogólnie zaprzestała stosowania przygotowanych rdzeni. Innymi słowy, można stwierdzić, że powróciła do dawnej technologii kamiennej.

EUROPEJSKI GÓRNY PALEOLIT: DLACZEGO ROBIONO TAK RÓŻNE OSTRZA?

Ludziom rozumnym tak, jak kromaniończykom, przypisujemy zasługę wymyślenia kolejnego po środkowym paleolicie etapu technologicznego – górnego paleolitu. Pozostając przy narzędziach kamiennych, zastanawiamy się nad głównym postępem technologicznym, jaki przyniósł europejski górny paleolit. Był

różnorodny, ale jego główne cechy stanowiły rozwój i użycie ostrzy. Jak wielu ludziom, również mnie określenia używane przez archeologów do opisania różnego rodzaju łupanych narzędzi kamiennych wydają się suche i trudne do pojęcia. Udałem się więc do eksperta od paleolitu profesora Dereka Roe, dyrektora Jednostki Badawczej Czwartorzędu Uniwersytetu Oksfordzkiego (Oxford University Quaternary Research Unit), kilka ulic od mojego domu.

Po wspaniałej kawie ten czarujący ekspert o szerokiej wiedzy dał mi do ręki kilka odłupków i ostrzy. Mówiąc ogólnie, ostrza są odłupywane lub odbijane od przygotowanego kamiennego rdzenia tak samo jak zwykłe odłupki, lecz w ten sposób, by odłupane fragmenty były dłuższe i węższe, a rdzeń, od którego je odłupano, pozostawał graniastosłupem; od niego zaś można odłupywać kolejne ostrza (rysunek 2.1). Ostrza, nie owalne lub trójkątne jak w zwykłych odłupkach, były długie i cienkie, równoległe, lekko zakrzywione i mogły posłużyć do produkcji wielu narzędzi pochodnych, takich jak noże, szydła, punktaki i skrobaczki. Ten nieco inny rodzaj łupania kamiennych rdzeni dał wielki potencjał rozwoju. Po pierwsze, z przygotowanego rdzenia otrzymywano nie jedno, lecz wiele narzędzi. Znacznie zmniejszało to wkład pracy, a gdy źródła dobrych kamieni były nieosiągalne lub rzadkie, ułatwiało transport. Po drugie, z jednego rdzenia można było wykonać wiele różnych produktów. Innymi słowy, wynalazcy ostrzy rozpoczęli samoprzyspieszającą rewolucję.

Zapytałem profesora Roe, co uważa za większy koncepcyjny skok: dalszy rozwój i zastosowanie rdzeni kamiennych przygotowanych do wytwarzania narzędzi w środkowym paleolicie czy sposób odłupywania ostrzy w górnym paleolicie. Po chwili zastanowienia stwierdził, że istotniejsze jest osiągnięcie ze środkowego paleolitu, gdyż użycie przygotowanych rdzeni było procesem wieloetapowym, w którym produkt finalny przez cały czas musiał tkwić w umyśle wykonawcy. Wystarczył jakikolwiek błąd w czasie przygotowania i rzemieślnik musiał rozpoczynać wszystko od początku. Odłupywanie ostrza zamiast zwykłego odłupka, choć otwierało wspaniałe możliwości, pozostawało pojedynczym uderzeniem na końcu sekwencji zdarzeń. Innymi słowy, ludzie wcześniejsi przygotowujący

rdzenie w środkowym paleolicie dokonali znaczniejszego postępu koncepcyjnego niż późniejsi rozwijający technikę odłupywania ostrzy w górnym paleolicie kilkaset tysięcy lat później[103].

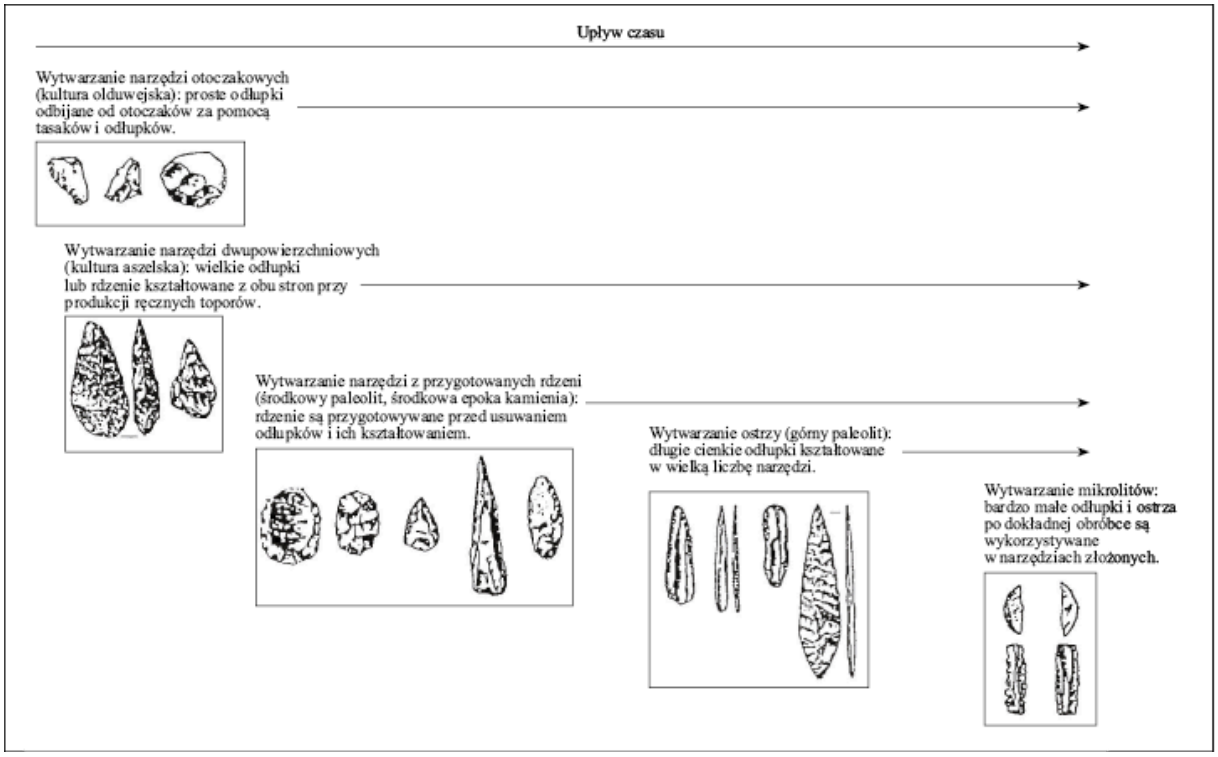
Robert Foley, podkreślając tę szczególną cechę, idzie dalej, argumentując, że technika przygotowywania rdzeni oznacza moment pojawienia się *Homo helmei* i lepiej zaznacza rozprzestrzenienie się na świecie ludzi rozumnych niż wytwarzanie ostrzy w górnym paleolicie[104].

Aby wytłumaczyć samemu sobie ten „koncepcyjny" paradoks rewolucji ostrzy, starałem się znaleźć przykładowe proste techniczne rozwiązanie, które przyniosło eksplozję różnych pożytecznych zastosowań, i w końcu wymyśliłem zapięcie na rzepy. Zachowując należny respekt dla głębi umysłu (lub umiejętności przewidywania) twórcy, musimy stwierdzić, że pomysł został wcześniej zastosowany przez rośliny, których ziarna z zadziorami czepiają się owczego runa. Nim pomysłowa oryginalność zaczepu rzepowego spowszechniała, różne jego zastosowania dokonały rewolucji w różnych dziedzinach codziennego życia.

NEANDERTALCZYCY POZOSTALI W TYLE, ALE CZY MOGLI NADGONIĆ?

Ponad 50 000 lat temu ludzie rozumni pozostawali na takim samym etapie posługiwania się narzędziami kamiennymi co neandertalczycy – to jedna strona medalu. A co z okresem od 28 000 do 40 000 lat temu, gdy neandertalczycy weszli w kontakty z ludźmi rozumnymi? Patrząc na wzajemne oddziaływanie obu grup, możemy rozważyć dwie przeciwne hipotezy o takim samym i odmiennym rozwoju mózgu. Gdyby neandertalczycy ze swymi mózgami o dużej objętości byli na podobnym do ludzi rozumnych poziomie rozwoju ewolucyjnego i po prostu przez przypadek nie dostrzegli dobrego pomysłu, mogliby rychło przejąć nowe umiejętności od ludzi. Z drugiej strony, gdyby rzeczywiście byli tępsi, nie byliby w stanie nauczyć się technik, których nie rozwinęli. W rzeczywistości

przystosowali się i w niektórych rejonach nawet rozwinęli własne wersje kilku nowych technologii z górnego paleolitu. Jednakże widać jasno, że ta adaptacja była zbyt powolna.


Upływ czasu
Wytwarzanie narzędzi otoczakowych (kultura oldowejska): proste odłupki odbijane od otoczaków za pomocą tasaków i odłupków.
Wytwarzanie narzędzi dwupowierzchniowych (kultura aszelska): wielkie odłupki lub rdzenie kształtowane z obu stron przy produkcji ręcznych toporów.
Wytwarzanie narzędzi z przygotowanych rdzeni (środkowy paleolit, środkowa epoka kamienia): rdzenie są przygotowywane przed usuwaniem odłupków i ich kształtowaniem.
Wytwarzanie ostrzy (górny paleolit): długie cienkie odłupki kształtowane w wielką liczbę narzędzi.
Wytwarzanie mikrolitów: bardzo małe odłupki i ostrza po dokładnej obróbce są wykorzystywane w narzędziach złożonych.

Rysunek 2.1. Sposób obróbki rdzeni, odłupków i ostrzy. Uproszczone spojrzenie na postępy w wytwarzaniu kamiennych narzędzi we względnym, nie zaś absolutnym porządku chronologicznym. Rozwój niekoniecznie oznaczał porzucenie dawnych metod – był to raczej postęp akumulacyjny.

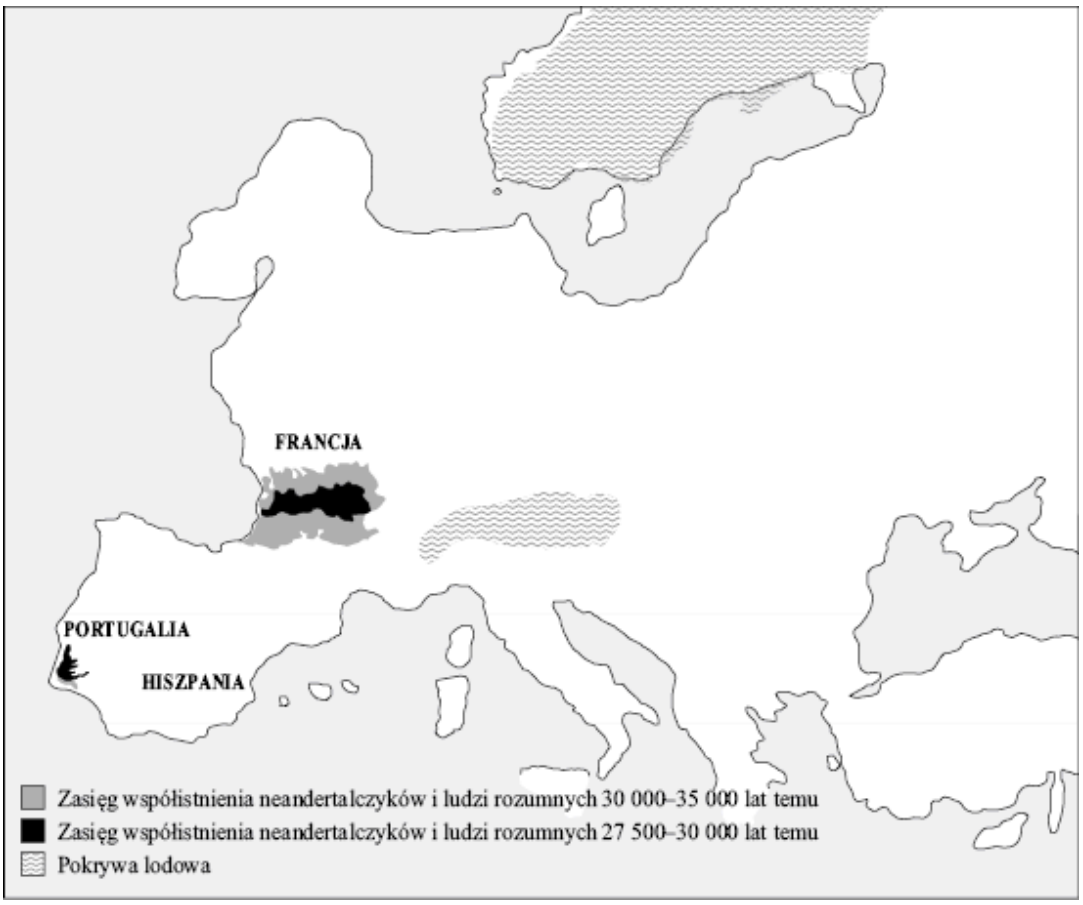
Myśląc o prawdopodobieństwie przejmowania technologii, musimy przede wszystkim pamiętać, że choć neandertalczycy współistnieli w Europie z ludźmi rozumnymi od 5000 do 12 000 (a czasem również od 28 000 do 40 000) lat temu, wszystkie dowody wskazują, iż przez większość czasu ich terytoria rzadko nachodziły na siebie. Gdy ludzie rozumni nagle rozprzestrzenili się z Europy Wschodniej, neandertalczycy skoncentrowani na zachodzie wycofywali się stopniowo do ostatnich bastionów we Włoszech, na południu Francji, a w końcu w Hiszpanii i Portugalii. Staranna analiza komputerowa miejsc i dat pokazała ostatnio, że obszary współżycia istniały nie

wcześniej niż 35 000 lat temu na terenach ostatnich bastionów neandertalczyków na południu Francji i w południowo-zachodniej Hiszpanii (rysunek 2.2). Miejsc takich było jednak za mało i zdarzyło się to zbyt późno. Powodów wycofywania się neandertalczyków wciąż możemy się jedynie domyślać. Czy był to wynik gwałtownego konfliktu, a może pokojowego współzawodnictwa? Brak przekrywania się terytoriów przez 10 000 lat sugeruje przedłużający się i prawdopodobnie wrogi impas. Nakładanie się większych terytoriów mogłoby pomóc neandertalczykom przejąć metody wytwarzania narzędzi, w końcu rozwinięcie nowej technologii zajęło ludziom rozumnym dziesiątki tysięcy lat. Z takich samych powodów ludzie Yalego nigdy nie posiedli sekretów produkcji europejskich dóbr luksusowych, a neandertalczycy nigdy nie uświadomili sobie potencjału rewolucji kulturowej przybyszów – co było niemożliwe bez społecznego zbliżenia. Być może neandertalczykom rzadko przytrafiała się możliwość podpatrzenia nowej technologii. Niezależnie od tego, przejęli od „rozumnych" nieco zwyczajów, głównie w okresach współistnienia i na terenach wspólnego występowania[105].

OGNISKA DOMOWE I POCHÓWKI

Budowanie ognisk domowych jest uznawane za oznakę pełnego rozwoju z okresu górnego paleolitu, ale wcześniejsze ślady takich konstrukcji (sprzed 50 000 lat) znajdujemy również na terenie Rosji i Portugalii wraz z narzędziami mustierskimi, co oznacza ich istnienie już w środkowym paleolicie, a więc używanie też przez neandertalczyków. Być może jedna z najbardziej kontrowersyjnych możliwości rehabilitacji kultury neandertalczyków dotyczy pochówków. Zamierzony pochówek, zwłaszcza z dobrami materialnymi i narzędziami używanymi podczas życia, sugeruje zastanawianie się nad tym, co dzieje się po śmierci, i być może rozważanie życia po życiu. Taka wiara może być nawet traktowana jako pierwszy dowód szczególnego aspektu religijnego myślenia. Dla

tego rodzaju rozważań filozoficznych istotne staje się stwierdzenie, czy dany zbiór kości został z rozmysłem pochowany i czy w grobie znalazły się, bądź nie, dobra doczesne[106].


FRANCJA
PORTUGALIA
HISZPANIA
Zasięg współistnienia neandertalczyków i ludzi rozumnych 30 000–35 000 lat temu
Zasięg współistnienia neandertalczyków i ludzi rozumnych 27 500–30 000 lat temu
Pokrywa lodowa

Rysunek 2.2. Czasowo-przestrzenne oszacowanie współistnienia neandertalczyków i ludzi rozumnych. Ostatni neandertalscy zbiegowie żyli w południowo-zachodniej Francji i w Portugalii.

Kompletne szkielety zwykle (choć nie zawsze) mogą wskazywać na formalne pogrzeby. Obecność pełnych ludzkich szkieletów z czasów wcześniejszych niż 100 000 lat temu, a szkieletów neandertalskich z okresu od 40 000 do 60 000 lat temu może być także rezultatem okresowego zamieszkania jaskiń przez hieny i inne drapieżniki. Dyskutowana była również kwestia, do jakiego stopnia kwiaty, kamienne kręgi, koźle rogi i ludzkie wytwory były składane do grobu

w celach rytualnych i religijnych[107]. Być może najważniejszym dowodem, że była to jedynie lokalna innowacja kulturalna, jest fakt, iż we wczesnych pochówkach spotyka się ją jedynie w grobach mieszkańców zachodniej Eurazji, w tym wczesnych ludzi rozumnych z Qafzeh w Izraelu (zob. rozdział 1). Nie ma dowodów występowania tego rodzaju pochówków wśród współczesnych w Afryce. Innymi słowy, pochówek, jak wiele innych aspektów technologii górnego paleolitu, był lokalnym wynalazkiem zachodniej Eurazji, który przejęli neandertalczycy, wyprzedzając w tym rozumnych Afrykanów. Ta kolejność podkopuje biologiczny determinizm, który przypisuje poszczególne praktyki kulturowe wyłącznie stopniowemu rozwojowi ludzkiego gatunku.

DLACZEGO TAK BARDZO ZAJMUJEMY SIĘ NEANDERTALCZYKAMI?

Przyczyną, dla której tak dobrze wypowiadam się o neandertalczykach, porównując ich umiejętności ze zdolnościami wczesnych ludzi, nie jest próba udowodnienia takiego samego, „genetycznie uwarunkowanego" ich potencjału intelektualnego. Nie ma sposobu, by to wykazać na podstawie posiadanych dowodów. Neandertalczycy, choć z wielkimi mózgami, byli pod innymi względami anatomicznie różni od ludzi rozumnych, nie byłoby więc niespodzianką istnienie pewnych niewielkich różnic umysłowych. Chcę jedynie zaznaczyć, że twierdzenie o kulturowym niedorozwoju neandertalczyków, uznanie ich za bardziej tępych, głupszych i bardziej nierozgarniętych niż nadciągający ludzie rozumni, opiera się na fałszywej wierze, że ich biologiczne i kulturowe cechy były bardzo zbliżone. Przynajmniej w Europie to ostatnie stwierdzenie było wyraźnie nadużywane w świetle zebranych dowodów.

Europejski górny paleolit był gloryfikowany jako „ludzka rewolucja" dzięki gwałtownemu rozwojowi zdolności skojarzeniowych w myśleniu i w mowie. Często w tym scenariuszu bezpośrednio zawierano koncepcję biologicznego postępu: genetycznie uwarunkowanej zmiany – genu myśli lub mowy – który jakoś pojawił

się w Europie w czasie rewolucji górnego paleolitu. Jednakże wiele z radykalnych innowacji nowych przybyszów o charakterze czysto regionalnym i występujących w danym okresie rozwinęło się długo po pojawieniu się ludzkiego gatunku. Dały one rozumnym szczególne lokalne korzyści. Neandertalczycy zostali zaskoczeni i pokonani przez złożoną kulturę przybyszów, rozwiniętą całkiem niedawno. Analogicznie żaden antropolog nie mógłby powiedzieć, że neolityczny lud Yalego na Nowej Gwinei miał mniejsze możliwości biologiczne niż ludzie z wieku metalu Jareda Diamonda, ale jest oczywiste, że z racji izolacji kulturowej przez minione 2000 lat nie korzystał z wynalazków zachodniej techniki takich jak strzelby i stal.

Dlaczego bronię neandertalczyków? Dlatego, że złe mówienie o nich, traktowanie ich jako niby podobnych do nas, ale całkiem innych, jest symptomatyczne dla obecnej w ludzkich społeczeństwach głębokiej potrzeby wykluczania, a nawet demonizowania innych grup (zob. rozdział 5). Sugeruję, że nieudowodniona ograniczoność umysłowa neandertalczyków jest przykładem z góry założonej koncepcji kulturowej, mylnie wspieranej przez geograficzną logikę, która również naszych anatomicznie współczesnych przodków afrykańskich stawia w takiej samej roli „rozumnych z mankamentami". Bardzo istotnym problemem tego europocentrycznego punktu widzenia jest fakt, że dzisiejsi Afrykanie są potomkami w linii prostej ludów sprzed górnego paleolitu i dzielą z nimi ponad połowę oryginalnych genów, więcej niż jakiekolwiek inne ludy na świecie. Uwłaczając ich przodkom, im również uwłaczamy.

EUROPEJSKI GÓRNY PALEOLIT: REWOLUCJA KULTUROWA CZY BIOLOGICZNA?

Clive Gamble jest światowym ekspertem od rekonstrukcji ludzkich zachowań z okresu paleolitu. W bardzo przejrzystej i zrozumiałej książce *Timewalkers* (*Wędrowcy czasu*) podsumował konwencjonalne poglądy i uznał okres od 40 000 do 60 000 lat temu

za próg oddzielający ludzi starożytnych od współczesnych (rozumnych). Uważa, że pod koniec tego okresu, 40 000 lat temu nastąpiło wielkie przyspieszenie połączone z pojawieniem się w Europie sztuki, narzędzi z kości, zdobień ciała, pochówków na otwartej przestrzeni, jam magazynowych, kamieniołomów, wymiany dóbr oraz procesu długotrwałego zajmowania terenów w nieprzyjaznym środowisku. Uzasadnia wyznaczenie tego progu, mówiąc, że „Bez wątpienia począwszy od 35 000 lat temu gospodarka górnego paleolitu obejmuje nie tylko Europę, lecz także rozprzestrzenia się w całym Starym Świecie z zauważalnym wyjątkiem Australii”[108]. Ten australijski wyjątek, jak widać, nie obejmuje sztuki zdobienia kamieni, gdyż sześć stron dalej Gamble wspomina o „rycinach w kamieniu z Karolty w południowej Australii, obecnie datowanych przynajmniej na 32 000 lat temu”. Takie datowanie oznacza, że niemal dorównują one wiekiem sztuce z jaskini Chauveta, a więc cytowany badacz rozszerza swoją wcześniejszą opinię, włączając przynajmniej częściowo Australię.

Inni, jak paleoantropolog z Chicago Richard Klein, idą o krok dalej w ocenie tej kulturalnej eksplozji, uznając ją za ludzko biologiczne objawienie. W książce *The Human Career* z roku 1989 stwierdza:

> […] można dowieść, że górny paleolit oznacza najbardziej fundamentalną zmianę ludzkiego zachowania, jaką kiedykolwiek zdołały pokazać odkrycia archeologiczne... Silna korelacja między śladami materialnymi z górnego paleolitu i pozostałościami ludzi rozumnych sugeruje, że górny paleolit i wszystkie następne epoki im zawdzięczają swe trwanie. Rodzi się zatem pytanie, czy jest możliwe znalezienie związku między ewolucją ludzi rozumnych i rozwojem cech zachowania charakterystycznych dla górnego paleolitu.

Potem, zwracając uwagę głównie na narzędzia środkowego paleolitu wytworzone przez wcześniejszych ludzi rozumnych, konkluduje:

> W sumie anatomiczna i behawioralna nowoczesność mogły się pojawić w Europie jednocześnie, ale zarówno na Bliskim Wschodzie, jak i w Afryce nowoczesność biologiczna poprzedziła behawioralną, a przynajmniej tak wynika z badań archeologicznych. Tę obserwację trudno wytłumaczyć. Być może w Afryce i na Bliskim Wschodzie najwcześniejsi osobnicy odpowiadający anatomicznie cechom ludzi rozumnych jeszcze w pełni nimi nie byli; powiedzmy, z powodu pewnych neurologicznych braków nie posiedli pełnych zdolności kulturowych. Mogły się one pojawić dopiero w okresie od 40 000 do 50 000 lat temu, by pozwolić wówczas już w pełni rozumnym ludziom rozprzestrzenić się na cały świat[109].

W tych wyraźnie biologicznych stwierdzeniach zauważamy opinię dominującą w konwencjonalnym modelu wyjścia z Afryki, sytuującą chronologiczny i genetyczny próg nowoczesności (behawioralnej i neurologicznej) nie dalej niż 50 000 lat temu w zachodniej Eurazji, już po rozproszeniu migrantów z Afryki. Ten model został wymyślony przed rokiem 1989 w czasie, gdy wierzono, że Australia została skolonizowana dopiero 40 000 lat temu. Innymi słowy, na podstawie istniejących dowodów Klein mógł uznać, że Australia – a zatem również Azja – została skolonizowana przez anatomicznie współczesnych ludzi rozumnych dopiero po rozpoczęciu epoki europejskiego górnego paleolitu. To dało mu argument, że ci „neurologicznie rozwinięci" z Europy mogli wyruszyć, aby skolonizować resztę nieafrykańskiego świata. W drugim wydaniu swej książki z roku 1999 Klein na kilku ostatnich stronach uznał możliwość wcześniejszego niż 60 000 lat temu skolonizowania Australii (i Azji) oraz używania harpunów do łowienia ryb w Afryce w okresie od 90 000 do 155 000 lat temu. Jednak w podsumowaniu nadal powraca do argumentu o neurologicznie ewolucyjnej (tzn. sterowanej genetycznie) rewolucji w Europie w okresie od 40 000 do 60 000 lat temu: „to sugeruje, że pełna zdolność kulturowa mogła pojawić się dopiero mniej więcej w tym czasie (50 000 lat temu)"[110].

Zanim rozważymy dowód, zauważmy, że ten argument opiera się na biologiczno-deterministycznym podejściu do zmian kulturowych. Tkwi w tym założenie, że każdy postęp kulturowy określa – i „przyzwala" nań – zmiana genetyczna. Jak wspomniałem wcześniej, kultura człowieka (lub innego naczelnego) jest najpierw wymyślana, potem wyuczana, a w końcu przekazywana z pokolenia na pokolenie. Nie każdy postęp lub umiejętność pochodzi od nowego genu. Raczej najpierw pojawiają się nowe zachowania, genetyczne modyfikacje zaś zapewniające najlepsze wykorzystanie tych zachowań, dokonują się później. Innymi słowy, zmiany kulturowe wyprzedzają cielesne, a nie odwrotnie. Ponadto istnieją przewidywalne geograficzne odmienności kultury. Poszczególne wynalazki w jakimś regionie prowadzą do lokalnych ulepszeń, a przyspieszenie postępu może dać regionowi lepsze szanse startowe. A więc należy oczekiwać regionalnych różnic w szybkości rozwoju kultury nawet w obrębie jednego ludzkiego gatunku.

CZY EUROPEJSKI GEN MĄDROŚCI ROZPRZESTRZENIŁ SIĘ NA WSZYSTKICH INNYCH?

W argumentacji Kleina, że w pełni „neurologicznie nowocześni (rozumni)" ludzie pojawili się dopiero 40 000–50 000 lat temu, tkwi kilka nieuniknionych założeń. Przede wszystkim wynika stąd prosty wniosek, że wcześni rozumni Afrykanie byli biologicznie mniej rozwinięci od ich następców – innymi słowy, nie mieli jeszcze neurologicznej zdolności do rozwijania nowoczesnych zachowań. Tę dziwną konkluzję należałoby konsekwentnie zastosować do ludzi rozumnych, którzy pozostali w Afryce, a także do pierwszych migrantów do Azji i Australii, gdyż powszechnie przyjmuje się teraz, że te kolonizacje nastąpiły wcześniej niż 50 000 lat temu (najwcześniejszy okres, który można przypisać do górnego paleolitu we wschodniej części Morza Śródziemnego). Co właściwie oznaczają te hipotetyczne wnioski? Po pierwsze to, że przodkowie w prostej linii dzisiejszych Afrykanów żyjący od 50 000 do 130 000 lat temu byli

biologicznie niezdolni do stosowania zachowań i techniki górnego paleolitu. Nie byli zdolni do malowania, rzeźbienia, handlu, organizowania się itd. Wielu twierdzi, że nie potrafili mówić lub że ich mowa była bardzo „prymitywna". Z takimi brakami prawdopodobnie nie byliby zdolni wykorzystać okazji, by prowadzić samochody lub samoloty, komponować lub grać soul, spirituals, reggae, muzykę klasyczną i jazz lub stać się lekarzami, finansistami bądź genetykami. Drzewa mitochondrialnego DNA i chromosomu Y pokazują, że dzisiejsi Afrykanie pochodzą głównie z linii istniejących w Afryce przed 50 000 lat, a nie spoza Afryki. A więc dlaczego dzisiejsi potomkowie tamtych Afrykanów potrafią robić to wszystko, do czego ich przodkowie byli ponoć genetycznie niezdolni?

Po drugie, istnieje jeszcze jeden problem logiczny. Jeżeli Europejczycy byli pierwszymi biologicznie współczesnymi (rozumnymi) ludźmi, którzy pojawili się stosunkowo późno, to co z resztą świata? W jaki sposób nadrobiła zaległości? Wszyscy żyjący ludzie rozumni są w pełni anatomicznie nowocześni i możemy prześledzić wstecz ich linie genetyczne aż do niewielkich grup przodków, którzy zaczęli opuszczać Afrykę 190 000 lat temu. W żadnym późniejszym okresie całkowita rozumna populacja świata nie liczyła poniżej tysiąca osobników[111], więc musimy sobie wyobrazić, że pojedyncza grupa nieuchronnie rozrastała się i dzieliła na wiele grup.

Pierwsze jądro ludzi rozumnych rozszerzyło się, rozszczepiło i rozprzestrzeniło wcześnie, a niektóre gałęzie nigdy się już nie spotkały aż do dzisiejszych czasów. Ten efekt „bezpowrotnej" separacji nie był nigdy tak ostateczny jak w przypadku grupy, która z sukcesem przekroczyła Morze Czerwone i skierowała się do Indii i Australii. Jeżeli, jak wierzy wielu ewolucjonistów, tylko jedna zmiana genetyczna w Europie dała ludzi zdolnych do zachowań współczesnych, całkowicie odmiennych od „archaicznych", to ta mutacja (lub mutacje) musiała nastąpić w określonym czasie wśród określonych Europejczyków później niż 45 000 lat temu i oczywiście poza Afryką.

Nowa mutacja musiała być przekazana wszystkim następnym pokoleniom, które otrzymały zmutowany gen, ale bez współdzielenia z „kuzynami" i ich potomkami. Jedynym wyjątkiem byłby przypadek współdzielenia zmutowanego genu w wyniku małżeństwa między kuzynami przeciwległymi. Szanse takiego mariażu malały gwałtownie, gdy grupy dzieliły się i rozpraszały po świecie. Gdyby więc rzeczywiście istniała „mutacja malarska" lub „mutacja mowy", jedynie potomkowie osobnika, który rozwinął tę mutację, mogliby odziedziczyć tę umiejętność. Skoro zatem „behawioralnie w pełni nowoczesny" klaster mutacji rozwinąłby się lokalnie w Europie 40 000–50 000 lat temu, reszta skolonizowanego świata – Azjaci, Afrykanie i Australijczycy – nie potrafiłaby malować, rzeźbić, mówić ani obstawiać koni na wyścigach. Nie potrafiliby tego również ich potomkowie. To czysty absurd, gdyż wiadomo, że to potrafią.

Trzymając się tego argumentu, musielibyśmy przyjąć, że wszystkie kolonie rozumnych Azjatów, Afrykańczyków i Australijczyków, aby dorównać pochodzącej z mutacji genetycznej kulturze Europejczyków z górnego paleolitu, musiałyby otrzymać zastrzyk owych „kulturalnych genów". Jedynym biologicznym sposobem wstrzyknięcia lub przepływu genów jest migracja i małżeństwa mieszane; nie wystarczy jednak posiadanie kilku zagranicznych kuzynów. Aby zmienić zdolności wszystkich potomków, stare hipotetyczne „geny kulturalne" musiałyby w całości zostać zastąpione „nowymi". Ciekawe, że ten masowy przepływ genów jest również argumentem dyskredytującym multiregionalistów starających się wyjaśnić, w jaki sposób nowoczesne populacje ludzi rozumnych ewoluowały oddzielnie w różnych częściach świata z lokalnych wariantów *Homo erectus*, w rezultacie stając się podobne bardziej do siebie wzajemnie niż do lokalnych typów *Homo erectus*. Głównym problemem wyrównywania poziomów przez przepływ genów jest fakt, że geografia drzew mtDNA i chromosomów Y nie daje żadnego potwierdzenia tak wielkiego międzyregionalnego wymieszania.

Rozważmy przykład z dziedziny kultury. Wiemy na pewno, że Australijczycy tworzyli kamienne obiekty sztuki wcześniej niż 32 000 lat temu, wtedy, gdy zaczęły one powstawać w Europie.

Wymagałoby to gwałtownego przepływu genów na wielką skalę z Europy na drugi kraniec globu, tak aby mieszkańcy Australii osiągnęli odpowiedni poziom pod względem biologicznym. Przecież to niedorzeczny pomysł, co łatwo sprawdzić. Z zapisu genetycznego wiemy, że choć współcześni Australijczycy dzielą z Europejczykami dwóch pozaafrykańskich przodków M i N sprzed 70 000 lat, zachowali własne typy M i N. Nie ma żadnego dowodu na ich pochodzenie od Europejczyków. Nie ma również żadnego śladu znaczącego przepływu genów z Europy do Australii w pozostałym okresie paleolitu[112].

ZASADNICZO PO WYJŚCIU Z AFRYKI NIE DOSZŁO DO ZMIESZANIA GENETYCZNEGO

Dowody genetyczne w linii męskiej i żeńskiej, chromosom Y i mtDNA, zaprzeczają potężnemu przepływowi genów. Jedną z najważniejszych informacji wynikających z historii chromosomu Y i mtDNA jest stwierdzenie, iż po początkowym rozproszeniu się ludzi rozumnych po wyjściu z Afryki i zasiedleniu każdego regionu Starego Świata i antypodów, nie dochodziło do żadnego międzyregionalnego przepływu genów (albo był on bardzo niewielki) aż do ostatniego wielkiego zlodowacenia 20 000 lat temu. Oba systemy markerów genetycznych pokazują jasne regionalne i międzykontynentalne podziały.

Dyfuzja kulturalna (rodzaj rozprzestrzeniania się kultury niewymagający znacznych ruchów ludzkich) była w okresie paleolitu o wiele bardziej prawdopodobną drogą przenikania kultury na wielkie odległości, a to niekoniecznie wymagało przepływu genów. Czy mimo to australijska sztuka kamienna sprzed 32 000 lat rzeczywiście mogła pochodzić od rozwijającej się równolegle sztuki europejskiej? Kultura musiałaby przebyć pół świata w niemożliwie krótkim czasie.

Najprostszą odpowiedzią uwalniającą nas od tego paradoksu (i innych mu podobnych) jest uznanie, że afrykańscy przodkowie wszystkich nie-Afrykanów, gdy opuszczali Afrykę, byli ludźmi w pełni

rozumnymi, umiejącymi malować, rozmawiać, śpiewać i tańczyć! Istnieje wiele zarówno biologicznych, jak i logicznych dowodów *przeczących* możliwości genetycznej ewolucji prowadzącej do powstania ludzi rozumnych 40 000 lat temu w Lewancie, w Europie i gdziekolwiek poza Afryką. Prowadzi nas to do zbadania bezpośrednich dowodów archeologicznych i argumentów antropologicznych potwierdzających prostą tezę, że pierwsi anatomicznie współcześni Afrykanie byli już ludźmi rozumnymi obdarzonymi pełnym intelektualnym potencjałem.

DOWÓD

Dwa zespoły badawcze antropologów i archeologów zanalizowały ostatnio narzędzia, technologię i styl życia naszych przodków, aby ocenić ich potencjał. Ich podejście i ramy dyskusyjne były bardzo różne, ale zgodnie z moją oceną konkluzje pokrywały się w szerokim zakresie. Przyglądając się ich pracy, musimy pamiętać, by archeologiczne dowody odmienności technologii różnych grup rozpatrywać zawsze w perspektywie pytania Yalego. Sztukę pisania i czytania wymyślono ponad 4000 lat temu na Zachodzie, ale nikt nie wspomina o żadnym genie pisania, tak samo jak nie genom przypisywany jest gwałtowny rozwój w minionym stuleciu – radio, telewizja, komputery, języki komputerowe, statki kosmiczne itd. Innymi słowy, żadnego z przemyślnych ostatnich ludzkich wynalazków nie możemy uznać za kamień milowy rozwoju biologicznego. Również wiele dowodów kultury technicznej i symbolicznej, takich jak rzeźbienie w drewnie, malowanie na nim, jest nietrwałych, a więc mamy mniej wcześniejszych przejawów kultury drewna.

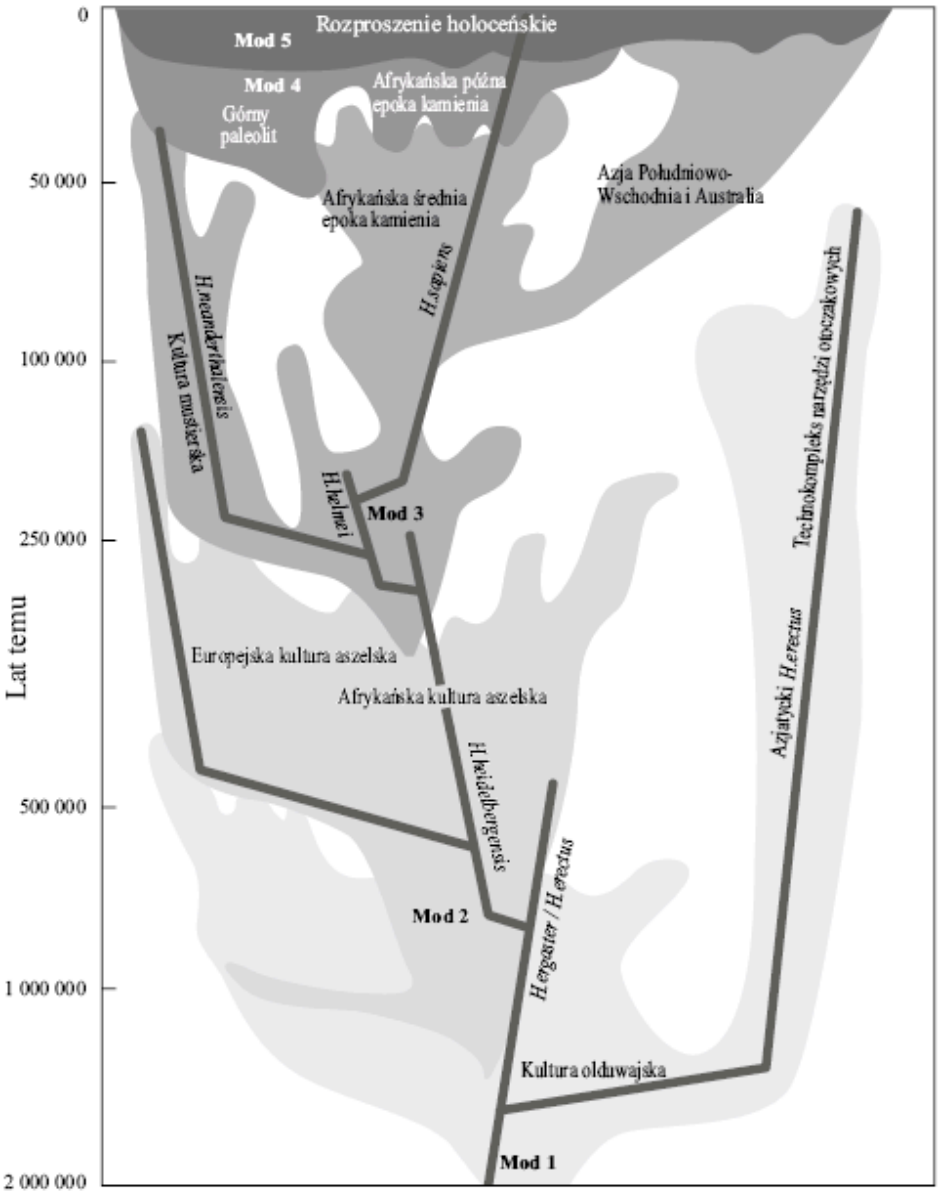
Oznacza to, że bez odpowiedniego kontekstu nie możemy założyć, iż dowody innowacji technicznych wskazują na ewolucję biologiczną. Wiedząc, jak innowacje kulturowe rozprzestrzeniały się w czasach naszej zapisanej historii, możemy oczekiwać, że generalnie powolny postęp przerywały zauważalne, lokalne rewolucje, których rezultaty

szerzyły się szybciej, powodując ostatecznie ogólne przyspieszenie rozwoju. W analizie źródeł rewolucji z okresu górnego paleolitu być może najważniejsze jest skupienie uwagi na geograficznym rozmieszczeniu bezpośrednich pierwowzorów kulturowych w północnej Afryce lub południowej Azji.

KAMIENNYM TROPEM ŚWIATOWEJ WĘDRÓWKI CZŁOWIEKA

Powinniśmy oczywiście zacząć od śladów najliczniejszych i najtrwalszych: kamiennych narzędzi. Zespół antropologa Roberta Foleya i paleontolożki Marty Lahr z Cambridge przeprowadził dogłębny przegląd kamiennych i kostnych znalezisk z całego świata, starając się powiązać różne typy technologii z różnymi gatunkami człowieka pierwotnego i rozumnego. Ich głównym wnioskiem było stwierdzenie, że ogólnoświatowe rozprzestrzenienie się ludzi rozumnych jest w sposób zauważalny powiązane czasowo z tak zwaną technologią modu 3 (rysunki 2.1 i 2.3). Ten technologiczny próg przekroczyli nasi przodkowie *Homo helmei* w Afryce około 300 000 lat temu. Istota tej technologii sprowadza się do użycia specjalnie przygotowanego kamiennego rdzenia, z którego odłupywano narzędzia; inaczej wyznacza środkowy paleolit. Inną definicją modu 3 jest nie zmiana techniki łupania kamieni, lecz raczej przejście od wielkich, ciężkich toporów do mniejszych narzędzi kamiennych, w tym ostrych odłupków, które można było oprawić[113]. Mod 3 zbiega się z najwcześniejszym pojawieniem wielkomózgich *Homo helmei*, którzy według Foleya i Lahr byli wspólnymi przodkami nas i neandertalczyków, i stał się główną technologią wykorzystywaną przez wszystkich członków tej ostatniej ludzkiej rodziny – łącznie z ludźmi rozumnymi – aż do 50 000 lat temu. Używanie przygotowanych rdzeni do wyprodukowania odłupków było koncepcyjnie najbardziej złożonym krokiem rozwojowym z okresu dolnego paleolitu. Jeżeli ci ludzie byli wystarczająco inteligentni, by przygotować rdzenie, prawdopodobnie nie zabrakło im inteligencji do wykonania ostrzy.

Produkowanie ostrzy z wielobocznych rdzeni to drugi znak rozpoznawczy tej techniki. Jednakże jest o wiele mniej użyteczny jako znacznik rozprzestrzeniania się ludzi rozumnych, stanowi bowiem późne i lokalne działanie w Europie i basenie Morza Śródziemnego (a potem również w Afryce i w Azji, ale nie w Australii). Poza tym może nie być tak wiarygodnym specyficznym znacznikiem ludzi rozumnych poza Afryką, ponieważ istnieją dowody produkowania ostrzy przez innych, współczesnych ludziom rozumnym (wytwórstwo z Châtelperron, wspomniane w przypisie 11) oraz wcześniejszych ludzi rozumnych w Afryce (np. w Howieson's Poort w Republice Południowej Afryki, od 60 000 do 90 000 lat temu, czyli w środkowej epoce kamienia). Ostatecznie po krótkim okresie afrykańskie „przemyślne" ostrza zostały zastąpione ponownie typowymi wytworami modu 3. Niektórzy archeolodzy uważają, że ostrza zostały wymyślone kilkakrotnie przed okresem górnego paleolitu, a potem zapomniane[114]. Być może dwa główne, praktyczne kroki postępu w górnym paleolicie dotyczyły użycia ostrzy: zróżnicowania narzędzi i gospodarowania surowcami.



Geograficzne rozprzestrzenianie modów technologicznych i wykorzystujących je ludzi

Rysunek 2.3. Światowy zasięg technologii kamiennej w czasie i przestrzeni. Zaciemnienie wzrastające z czasem wskazuje stopniowe rozprzestrzenianie modów 1–5 (od Afryki do Europy po lewej i na Daleki Wschód po prawej). Ludzkie gatunki powiązane z rozprzestrzenianiem się poszczególnych modów są zaznaczone na gałęziach drzewa.

Amerykański duet antropologiczno-archeologiczny Sally McBrearty i Alison Brooks potwierdza argument o prastarych umiejętnościach

z okresu afrykańskiej środkowej epoki kamienia. W dogłębnej interpretacji narodzin zachowań ludzi rozumnych w artykule pod tytułem *The revolution that wasn't* (*Rewolucja, której nie było*)[115] badaczki przeciwstawiły się ortodoksyjnemu twierdzeniu o „ludzkiej rewolucji" sprzed 40 000–50 000 lat. Zamiast tego, przeciwnie niż Foley i Lahr, uznający technologię modu 3 (środkowy paleolit) za cechę definiującą zachowanie człowieka rozumnego, McBrearty i Brooks omawiają ewolucję współczesnych działań kulturowych w kontekście afrykańskiej środkowej epoki kamienia. Ta ostatnia biegła z grubsza współcześnie do europejskiego środkowego paleolitu, trwając aż do afrykańskiej późnej epoki kamienia z wydłużającą się kapryśnie przemianą rozpoczynającą się jakieś 70 000 lat temu. Według nich afrykańska środkowa epoka kamienia rozpoczęta wraz z *Homo helmei* 250 000–300 000 lat temu cechowała się większą dynamiką objawiającą się większą liczbą przemian kulturowych niż średni paleolit w sąsiedniej Europie, wyprzedzając wiele zachowań bardziej charakterystycznych dla europejskiego górnego paleolitu. Przez kilkaset lat – twierdzą badaczki – ludzie w Afryce stopniowo nagromadzili, dzięki swej inwencji, narastający pakiet skomplikowanych umiejętności kulturowych i materialnych. Patrząc na to, co działo się w Afryce, widzimy, że niewiele z tych osiągnięć technicznych i społecznych można przypisać kamieniom milowym biologicznego rozwoju będącym wynikiem zastąpienia *Homo helmei* ludźmi rozumnymi. Znacznie więcej tych zdobyczy można uznać za czysto kulturową ewolucję, przyspieszającą zgodnie z własnym tempem.

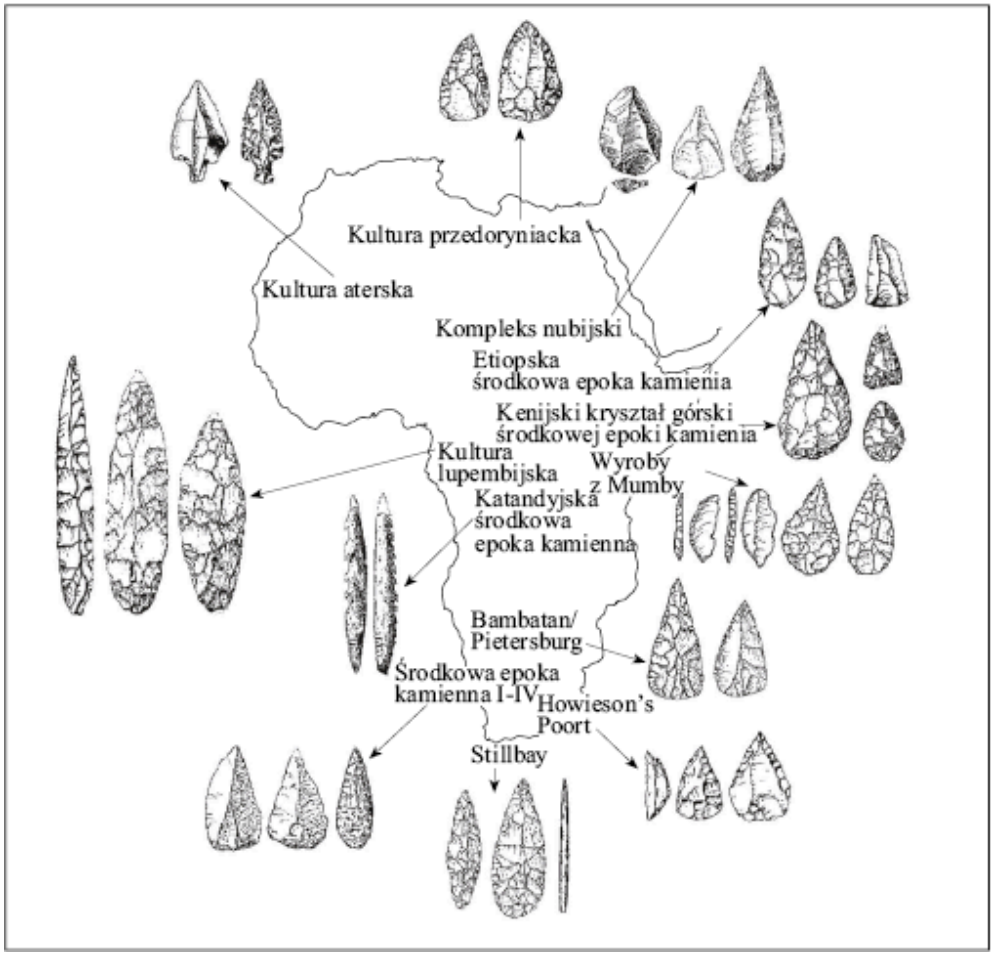
PRZYDATNE NARZĘDZIA AFRYKAŃSKIE

McBrearty i Brooks pokazują, że w przeciwieństwie do Europy, gdzie słynne narzędzia-ostrza wyznaczają nadejście człowieka rozumnego 40 000–50 000 la temu, w Afryce ostrza były używane z przerwami w afrykańskiej środkowej epoce kamienia już 280 000 lat temu, to znaczy niemal ćwierć miliona lat przed pojawieniem się ludzi

rozumnych[116]. Innym narzędziem, które rozkwitło w środkowym i górnym paleolicie, był kamienny grot. Groty to w zasadzie odłupki, ponownie rozłupane wzdłuż obu powierzchni w celu otrzymania szpica odpowiedniego do zakończenia dzidy. Ich historia w Afryce sięga 250 000 lat – o wiele dłużej niż w Europie. Jak pokazują McBrearty i Brooks, groty odznaczają się wielką różnorodnością regionalną i przemyślnym kształtem (rysunek 2.4).

Jedynym wyspecjalizowanym i precyzyjnym narzędziem kamiennym, które zostało wykonane najpierw w Afryce, a w prehistorii europejskiej pojawiło się raczej późno, jest mikrolit. Te malutkie narzędzia – o długości mniejszej niż 25 milimetrów, z jedną krawędzią stępioną jak ostrze scyzoryka – dokładnie dopasowane kształtem, wykonywano z niewielkich ostrzy lub ich fragmentów. Miały szerokie zastosowanie, zwłaszcza po przymocowaniu do drzewca mogły służyć za narzędzia lub broń, jako dzidy, noże i strzały. Uszkodzony pojedynczy mikrolit można było łatwo naprawić lub wymienić. Uważane za mod 5 – najbardziej wyrafinowane kamienne narzędzia – będące znakiem rozpoznawczym afrykańskiej późnej epoki kamienia, pojawiły się po raz pierwszy na stanowisku Mumba Rock Shelter w Tanzanii 70 000 lat temu. Jednakże Europa zobaczyła je znacznie później – w większości w okresie po ostatnim zlodowaceniu 8000 lat temu. Najwcześniejsze jednoznaczne informacje o ich wytwarzaniu poza Afryką pochodzą nie z Europy, lecz ze Sri Lanki sprzed 30 000 lat, co sugeruje bezpośrednie przekazanie technologii z Afryki południowym szlakiem (zob. rozdział 4)[117].

Użycie do wykonywania narzędzi i broni materiałów niekamiennych, takich jak kości i rogi, to kolejna opowieść o umiejętnościach, które jakoby pierwsi posiedli Europejczycy 30 000–40 000 lat temu. Jednakże McBrearty i Brooks wskazują na liczne dowody istnienia kościanych narzędzi w Afryce wcześniej niż 100 000 lat temu. Ponadto niektóre afrykańskie narzędzia kościane są zaopatrzone w kolce i wyglądają jak ostrza harpunów (rysunek 2.4).



Rysunek 2.4. Mapa rozproszenia stylów kamiennych grotów z afrykańskiej środkowej epoki kamienia. Warto zwrócić uwagę na kolczaste „groty harpunów" z Katandy.

Innym fascynującym obiektem w zestawie narzędzi człowieka, datowanym na czasy *Homo helmei* 280 000 lat temu, są żarna. Żarna niemal zawsze służyły do dwóch całkowicie odmiennych celów: mielenia żywności oraz barwników mineralnych takich jak czerwona i żółta ochra z kamiennych bryłek. To drugie zastosowanie jest w znacznie większym stopniu powiązane z naszą historią ewolucji intelektualnej[118].

AFRYKAŃSCY ARTYŚCI

Użycie barwników uważamy za kolejny znak rozpoznawczy górnego paleolitu europejskiego[119], a ich pojawienie się przed 280 000 lat w Afryce pokazuje, że znaczną przesadą było uznanie pięknych malowideł z jaskini Chauveta za pierwszą oznakę myślenia symbolicznego, co zaćmiło nasze postrzeganie takich samych osiągnięć umysłowych odleglejszych przodków. Barwniki były tak często używane w Afryce wcześniej niż 100 000 lat temu, że wydobywanie takich minerałów jak hematyt można uznać za działanie na skalę przemysłową. Wydobycie w Europie rozpoczęło się dopiero 40 000 lat temu. W jednej kopalni afrykańskiej pozyskano ze zbocza klifowego przynajmniej 1200 ton barwnika[120]. Niektórych antropologów i archeologów fascynuje systematyczne użycie barwnika, które na równi z pogrzebami uważają za wczesny dowód zachowania symbolicznego. Barwników używano do malowania ścian, przedmiotów i ciał, przy pogrzebach i do wyprawiania skór. Stosowali je również neandertalczycy, lecz daty znalezisk wskazują, że tę umiejętność przejęli od wczesnych ludzi rozumnych. Szkoda, że nigdy się nie dowiemy, jak rozwijało się chroniące przed zimnem owłosienie neandertalczyków, co mogło ograniczać łatwość i praktyczny sens malowania ciał.

Ludzie górnego paleolitu stosowali zarówno barwniki roślinne, jak i mineralne, ale większość dowodów używania tych pierwszych przez Afrykanów ze środkowej epoki kamiennej uległa rozkładowi z upływem czasu. Rzeczywiste dowody istnienia reprezentacyjnych malowideł zanikły z czasem, zwłaszcza w Afryce, gdzie brakuje wapiennych grot, w jakich malowidła zachowały się w Lascaux i jaskini Chauveta. Co szczególne, malowidła z jaskini Chauveta, najstarsze z europejskich dzieł sztuki, reprezentują najwyższy poziom artystyczny z okresu paleolitu. Wyjątkowo realistyczne i pobudzające wyobraźnię, częściowo dla pogłębienia dramatycznego efektu wykorzystują naturalne kamienne uwypuklenia, nie wyglądają jak pierwsze słabe przebłyski myślenia symbolicznego. Widzimy styl dojrzały, w pełni rozwoju, najpewniej w szczytowej formie, po której mógł następować jedynie spadek poziomu[121].

Jednakże najstarszy przykład malowidła reprezentacyjnego nie pochodzi z Europy, lecz z jaskini na południu Namibii z okresu środkowej epoki kamienia, od 40 000 do 60 000 lat temu, a więc poprzedza obrazy europejskie. Hematytowe „ołówki" ze startymi powierzchniami, znajdowane w różnych miejscach południowej Afryki, pochodzą sprzed ponad 100 000 lat. Tego rodzaju dowody przeczą umiejscawianiu „symbolicznej rewolucji człowieka" w Europie. Jak wskazują McBrearty i Brooks, malowidła afrykańskie mogły być nawet znacznie starsze, ale bezpośrednie dowody ich istnienia już zanikły lub oczekują na odkrycie, gdy poszukiwania w Afryce staną się równie intensywne jak badania europejskie[122].

Pierwszymi oznakami reprezentacji symbolicznej wcale nie muszą być rozpoznawalne obrazy ludzi, zwierząt i przedmiotów. Regularne rysy, kreskowania i nacięcia kawałkami kamieni lub grudkami mineralnego pigmentu prawdopodobnie miały również jakieś symboliczne znaczenie. Niektóre obiekty afrykańskie mają ponad 100 000 lat. Bezspornie najwcześniejsze przykłady wzorów rozmyślnie kreślonych w kamieniu pochodzą z piaskowcowych jaskiń Indii z okresu przejściowego od dolnego do środkowego paleolitu z czasów gdzieś między 150 000 a 300 000 lat temu. Australijski archeolog Robert Bednarik głosi kontrowersyjną opinię, że niektóre z meandrujących linii i miseczkowatych zagłębień na kamiennych powierzchniach w jaskiniach Bhimbetka w pobliżu Bhopalu stanowią najstarsze przykłady sztuki symbolicznej na świecie[123].

AFRYKAŃSKIE OZDOBY

Ozdoby osobiste, na przykład koraliki i wisiorki, zdaniem archeologów pokazują nową finezję praktyk rytualnych i symbolicznych z okresu górnego paleolitu europejskiego. Dowody zdobienia ciała w Europie przez ludzi w pełni rozumnych pochodzą sprzed 40 000 lat. Była to szczególna cecha kultury graweckiej[124], która pojawiła się około 30 000 lat temu, lecz pierwsze obiekty tego rodzaju datujemy na 40 000 lat temu. Jeden z najbardziej

spektakularnych przykładów takiej dekoracji ciała został znaleziony w grobie w Sungirze mniej więcej 200 kilometrów na wschód od Moskwy. Tam 24 000 lat temu, mniej więcej w czasie maksimum zlodowacenia, w pobliżu zasłaniających ziemię pokryw lodowca, wykopano trzy groby dla starszego mężczyzny i dwójki dzieci. Wszyscy mieli na sobie zewnętrzne okrycia bogato zdobione tysiącami paciorków z kości słoniowej. Stroju dopełniały bransolety, różdżki, figurki zwierząt i wisiorki z kości słoniowej[125].

McBrearty i Brooks dowiodły, że zdobnictwo ciała w Afryce wyprzedza europejskie o dziesiątki tysięcy lat. Piszą o dziurkowanym wisiorku z muszli pochowanym w Afryce Południowej razem z dzieckiem ponad 105 000 lat temu oraz innych ozdobach, nawierconym wisiorku datowanym na 130 000 lat, czyli okres afrykańskiej środkowej epoki kamienia. Paciorki z muszli ostryg z wywierconymi otworami są charakterystyczne dla afrykańskiej późnej epoki kamienia sprzed 60 000 lat[126].

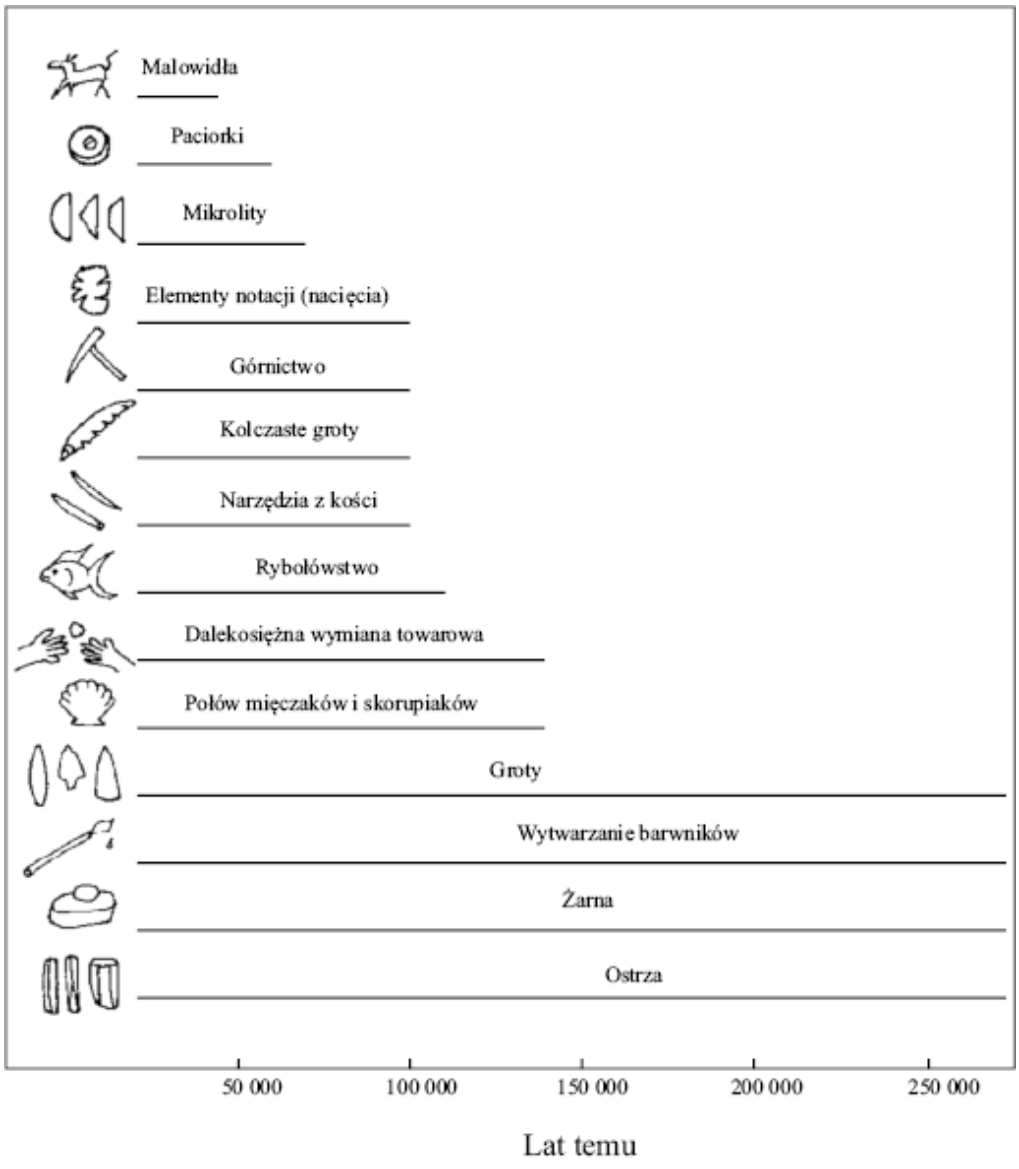
Jak widzimy na rysunku 2.5 (który przedstawia dowody raczej stopniowego osiągania elementów „nowoczesnej" kultury w ciągu minionych 300 000 lat), użycie barwnika, wykonywanie znaków symbolicznych na kamieniach oraz kształtowanie ostrzy i szydeł nie były w rzeczywistości osiągnięciami ludzi rozumnych. Te umiejętności i działania symboliczne osiągnięto ponad 250 000 lat temu – w raczej wczesnym okresie historii naszych archaicznych przodków. W Afryce są nadal odnajdowane mniej trwałe elementy złożonej kultury, takie jak malowidła i paciorki, o dziesiątki lat wcześniejsze od pierwszych tego rodzaju śladów w Europie.

Górnictwo, narzędzia i harpuny z kości pojawiły się wcześniej niż 100 000 lat temu. W okresie późniejszym wszelkie umiejętności były chronologicznie i jasno powiązane z ludźmi rozumnymi.

AFRYKAŃSCY RYBACY

Te „nowoczesne" innowacje były przedmiotami w całości wykonanymi przez ludzi. Patrząc na ich dokonania, spostrzegamy, że

jeszcze bardziej fascynujący horyzont ich zachowań otworzył się w okresie od 110 000 do 140 000 lat temu – gdy zgodnie z kopalnymi zapisami pojawiliśmy się jako nowy afrykański rozumny gatunek. Aby nie wpaść w pułapkę automatycznego przypisywania nowych umiejętności unikatowym zmianom genetycznym, warto przyjrzeć się nowym zachowaniom, które mogły dać nam przewagę nad naszymi wielkomózgimi przodkami *Homo helmei.* Kluczem może być rozpowszechnienie się 150 000 lat temu nowego pożywienia: ryb i skorupiaków. Neandertalczycy nie pozostali tu w tyle i również praktykowali przeczesywanie plaż basenu Morza Śródziemnego przed 60 000 lat[127].



Rysunek 2.5. Współczesne zachowania i dowody osiągnięć minionych czasów w Afryce w ciągu 300 000 lat. Cztery na czternaście pojawiło się przed ludźmi rozumnymi, a większość wyprzedza okres górnego europejskiego paleolitu.

Bez wątpienia najważniejszym zachowaniem zwierzęcia jest zdobywanie pożywienia. Przez ostatnie dwa miliony lat pustynnienie Afryki wciąż i wciąż narastało, coraz bardziej utrudniając znalezienie żywności. Ludzie, aby przeżyć, musieli się stawać coraz przemyślniejsi i przemieniać się w wysoko wyspecjalizowanych zbieraczy-myśliwych. W środkowej epoce kamienia byli zdolni

do polowania na wielkich i niebezpiecznych roślinożerców[128]. Ostre zlodowacenia z okresu od 130 000 do 170 000 lat temu niemal wymiotły zwierzynę łowną, od której (ze względu na kalorie i białko) zależało ludzkie istnienie. Nie było zatem zbiegiem okoliczności, że wcześniej niż 140 000 lat temu ludzie z afrykańskiej środkowej epoki kamienia zajęli się przeczesywaniem plaż, zbierając na wybrzeżu skorupiaki i mięczaki, zapewniające białko w zastępstwie zwierzyny łownej.

Przeczesywanie plaż zdarzało się również w południowej Afryce u ujścia rzeki Klasies, ale z perspektywy naszej historii najważniejszą rolę odegrało na erytrejskim wybrzeżu Morza Czerwonego w okolicach Abdur, to tam bowiem mógł się zacząć australijski szlak przeczesywaczy plaż (zob. rozdział 1). Tam przy najwyższym interglacjalnym poziomie morza znaleźliśmy narzędzia ze średniej epoki kamienia wymieszane z resztkami skorupiaków i pozostałościami upolowanych wielkich zwierząt afrykańskich sprzed 125 000 lat. McBrearty i Brooks twierdzą, że przejście od przeczesywania plaż do rybołówstwa nastąpiło w Afryce wcześniej niż 110 000 lat temu[129].

Ostatnio miałem szczęście oglądania sławnej rafy Abdur pod okiem jej odkrywcy, erytrejskiego geologa Seife Berhe. Zjeżdżając stromą skarpą, opuściliśmy chłodną, nawodnioną wyżynę wokół stołecznej Asmary 1200 metrów nad poziomem morza i wkrótce smażyliśmy się w upale na wybrzeżu Morza Czerwonego w pachnącym arabskimi woniami, okaleczonym wojną porcie Massawa. Z krótkimi postojami dla nabrania wody i lodu podróżowaliśmy na południe przez trzy godziny poprzecinaną garbami, zakurzoną, zdatną do jazdy w każdą pogodę drogą przybrzeżną. Wokół rozciągał się wulkaniczny krajobraz z pasmami wysokich gór przetkanymi suchymi, zamulonymi równinami aluwialnymi. Na krótko zatrzymało nas jedynie przedziurawienie opony na ostrej wulkanicznej skale.

Był to koniec pory suchej i karłowate krzewy, zwykle akacjowe, stanowiły jedyne plamy zieleni. Spotykane sporadycznie gazele, szakale, zające, dropy i orły były jedynymi widocznymi pozostałościami licznej przed ostatnią wojną zwierzyny. Wszędzie

widzieliśmy stada wielbłądów, kozłów, bydła i gruboogoniastych pustynnych owiec. Poza niewieloma koczowniczymi pasterzami Afarowie byli jedynymi rdzennymi mieszkańcami tej części wybrzeża, a ich tereny rozciągały się aż do Dżibuti. Mieszkając w prostych chatach z chrustu, byli w pełni zależni od swych stad, dla których każdego dnia od rana do wieczora pobierali wodę ze studni wykopanych w suchych łożyskach rzek. Rozłożyliśmy się obozem na pograniczu jednego takiego suchego łożyska, na płaskim piaszczystym terenie, wzniesionym 10 metrów ponad plażą.

Wkrótce przekonałem się, że rozbiliśmy obóz na słynnej, liczącej 125 000 lat rafie. Gdy klimat zaczął się pogarszać 120 000 lat temu, poziom morza opadł, pozostawiając wysuszoną rafę z wieloma rodzajami korali i pięknie zachowanych muszli pod naszymi stopami, tuż pod powierzchnią ziemi. Ciągłe wypiętrzenie tektoniczne wzniosło całą rafę przybrzeżną o kolejne 5 metrów, tworząc klif biegnący 10 kilometrów wzdłuż wybrzeża. Dodatkowe wzniesienie ochroniło rafę przed skutkami erozji podczas kolejnego podniesienia poziomu morza 5500 lat temu.

Dzień po przybyciu zeszliśmy z klifu na suchą płaszczyznę estuarium, gdzie spotkaliśmy przyjacielskich Afarów pojących bydło. Aby nie wyczerpać całej wody z naturalnej studni, wyciągali ją w kubłach i zbierali w wielkim, mającym kształt misy basenie z mułu, który zbudowali w piasku. Gdy bydło, kozły i owce oczekiwały w pojedynczym rzędzie na swą kolej do picia z zaimprowizowanej niecki, pasterze śpiewali pieśń wody.

Bezpośrednio nad tą antyczną sceną Seife Berhe pokazał mi mającą 125 000 lat stertę muszli, pozostałości posiłków z ostryg, wyglądającą jakby tam leżała od wczoraj. Wyraźnie widoczny, wystający na zewnątrz, ale wcementowany w skamieniałe muszle, tkwił między nimi odłupek z obsydianu. Jego kształt wyraźnie pokazywał, że został specjalnie obrobiony. Musiał być przyniesiony na rafę, gdyż najbliższe źródło obsydianu znajdowało się w odległości 20 kilometrów. Sterta muszli, kości ubitych zwierząt, odłupek i inne obsydianowe przedmioty dawały obraz mieszanej diety ludzi, którzy dawno temu żyli na tej rafie. Kawałki bloków koralowych popękały i odstawały od klifu, bez czego nie bylibyśmy

w stanie wspiąć się i dotrzeć tak blisko. W piasku wokół tych wielkich bloków, wśród resztek korala leżały liczne niewielkie obsydianowe miniostrza, długości od 10 do 40 milimetrów, niektóre bardzo połyskliwe i ostre. Mógłbym się nimi ogolić. Pamiętam, że opisując to ważne stanowisko archeologiczne w „Nature", wspomniano o obsydianowych ostrzach na rafie, ale tutaj wyraźnie spoczywały mikrolity. Zagadkę stanowiło to, że 125 000 lat temu to o wiele za wcześnie na tak małe narzędzia – a może zostały tam dorzucone znacznie później? Fakt, że leżały luźno bez żadnego związku ze stosem, czynił taką alternatywę prawdopodobną. Dotychczasowe odkrycia archeologiczne dowiodły, że mikrolity zaczęły się pojawiać w Afryce później niż 80 000 lat temu. Na piasku nad klifem leżało ich mnóstwo, więc może tak rzeczywiście było. Interesujące, że wszystkie najwcześniejsze mikrolity poza Afryką znaleziono na wschód od Morza Czerwonego, w Sri Lance[130].

Ostatnim z poznanych przez nas kluczowych elementów pakietu zachowań człowieka rozumnego jest wymiana długodystansowa, czyli, innymi słowy, pewna postać handlu i przemieszczania ważnych obiektów, takich jak narzędzia i surowy obsydian, na odległość do 300 kilometrów. Ponownie dane z odkryć w Afryce wskazują, że te najbardziej ludzkie zachowania pojawiły się przynajmniej 140 000 lat temu[131].

DWA MILIONY LAT LUDZKIEGO KNOW-HOW

Według przedstawionego przez McBrearty i Brooks złożonego obrazu anatomicznie współczesnych (rozumnych) Afrykanów, już w czasie ich pierwszego pojawienia się około 140 000 lat temu istniała połowa z czternastu zachowań i zdolności skojarzeniowych, które ostatecznie doprowadziły nas na Księżyc. Trzy z nich (przygotowywanie barwników, żarna i ostrza) zostały wynalezione przez starsze gatunki, poprzedzające człowieka rozumnego o 140 000 lat. Wcześniej niż 100 000 lat temu – tuż po pierwszym wyjściu do Lewantu – wynaleziono trzy czwarte tych umiejętności,

a pozostałe trzy pojawiły się, nim pierwsi ludzie rozumni dotarli do Europy (rysunek 2.5). W takiej perspektywie kumulacyjnego narastania kultury przez ostatnie 300 000 lat koncepcja nagłej „europejskiej rewolucji człowieka rozumnego" 40 000 lat temu pęka jak bańka mydlana. Odrzucając interpretację rozwoju cech ludzkich w rezultacie „przystosowywania się i pomysłowości jako następstw ewolucji fizycznej", rozciągamy opowieść o rodzaju *Homo* – myśliwych, wynalazcach i wytwórcach narzędzi – na dwa miliony lat.

Pomimo pomniejszenia jego roli w ewolucji, europejski okres górnego paleolitu pozostaje wyjątkowym czasem najwspanialszej lokalnej wynalazczości. Co jednak ci ludzie mówią nam o sobie samych? Daty i rozprzestrzenienie pozostałości kamiennych kultur z najwcześniejszego okresu górnego paleolitu w sposób oczywisty powiązanych z inwazją ludzi rozumnych na Europę – kultury oryniackiej i jej sukcesora, kultury graweckiej – wskazują, że nie było jednej inwazji, lecz dwie. W następnym rozdziale dowiemy się, dlaczego i w jaki sposób ślady genetyczne wspierają ten punkt widzenia.

96 Gamble C., *Timewalkers*, Harvard University Press, Cambridge, MA 1994, s. 160, tabela 8.2, s. 160.

97 Klein R.G., *The Human Career: Human Biological and Cultural Origins*, Chicago University Press 1989.

98 Diamond J., *Strzelby, zarazki maszyny: losy ludzkich społeczeństw*, przeł. M. Konarzewski, Prószyński Media, Warszawa 2010.

99 Zob. omówienie, a zwłaszcza tabela 1 i rysunek 2 i 13, w: McBrearty S., Brooks A.S., *The revolution that wasn't: A new interpretation of the origin of modern human behavior*, „Journal of Human Evolution" 2000, nr 39, s. 453–563; zob. także Foley R., Lahr M., *Mode 3 technologies and the evolution of modern humans*, „Cambridge Archaeological Journal" 1997, nr7 (1), s. 3–36.

100 McBrearty S., Brooks A.S., op. cit.; Foley R., Lahr M.M., op. cit.

101 Mishra S., *The chronology of the Indian Stone Age: Impact of recent absolute and relative dating attempts*, „Man and Environment" 1995, nr 20 (2), s. 11–17; Stringer C., *Current issues in modern human origins*, w: W.E. Meikle et al. (red.), *Contemporary Issues in Human Evolution*, California Academy of Sciences, San Francisco 1996, s. 115–134.

102 Harrison T., *New archaeological and ethnological results from Niah caves, Sarawak*, „Man" 1959, nr 59, s. 1–8.

103 Jestem wdzięczny Andrew Sherrattowi z Ashmolean Museum w Oksfordzie, który był moim cierpliwym przewodnikiem przez dolny, środkowy i górny paleolit.

104 Foley R., Lahr M.M., op. cit. Ten argument upadł dla Dalekiego Wschodu (zob. rozdziały 4–6). W każdym razie, jak zobaczymy, ostrza zostały prawdopodobnie wymyślone kilkakrotnie wcześniej podczas średniego paleolitu, choć nie były używane do tak wielu celów.

105 Bocquet-Appel J.-P., Demars P.Y., *Neanderthal contraction and modern human colonization of Europe*, „Antiquity" 2000, nr 74, s. 544–552; zob. także Davies W., *A very model of a modern human industry: New perspectives on the origins and spread of the Aurignacian in Europe*, „Proceedings of the Prehistoric Society" 2001, nr 67, s. 195–217. Przykładem takiej „nabytej technologii" jest wytwórstwo z Châtelperron z południowej Francji, które było późną tradycją górnego paleolitu związaną z neandertalczykami. Inne tak zwane gospodarki przejściowe przypisywano neandertalskim wysiłkom adaptowania się, by dotrzymać kroku zmianom. Należy do nich tradycja ulucka (Uluzzo) z Włoch i znacznie wcześniejsze kultury ze wschodniej Europy, z czasów pierwszego pojawienia się ludzi rozumnych około 40 000 lat temu: szelecka, Bohunicien (nazwa pochodzi od Bohunic pod Brnem) i mikocka (nazwana od La Micoque, miejsca odkrycia charakterystycznych narzędzi). Niestety we wszystkich tych przypadkach znajdowano zawsze mniej kości niż kamieni, więc nie sposób było absolutnie potwierdzić, kto był wykonawcą kamiennych narzędzi, neandertalczycy czy ludzie rozumni.

106 Solecki R., *Shanidar: The Humanity of Neanderthal Man*, Allen Lane, London 1972. Zob. także krytyczne omówienia takich dowodów wczesnych pochówków w: Klein R.G., *The Human Career: Human Biological and Cultural Origins*, 2 wyd., Chicago University Press, Chicago 1999, s. 395, 469–470, 550–553.

107 Klein R.G., op. cit., s. 469–470.

108 Gamble C., op. cit., s. 161.

109 Oba cytaty z: Klein R.G., op. cit., s. 358–360.

110 Klein R.G., op. cit., s. 593–594.

111 Takahata N., Satta Y., *Footprints of intragenic recombination at HLA locus*, „Immunogenetics" 1998, nr 47, s. 430–441.

112 Na przykład porównanie europejskich i australijskich typów mtDNA nie ujawniło żadnego przekrywania się kaukaskiej haplogrupy N z dobrze określonymi

liniami (tabela 2 w: Richards M. et al., *Tracing European founder lineages in the Near Eastern mtDNA pool*, „American Journal of Human Genetics" 2000, nr 67, s. 1251–1276; Richards M., Macaulay V., *Genetic data and the colonization of Europe: Genealogies and founders*, w: C. Renfrew, K. Boyle (red.), *Archaeogenetics: DNA and the Population Prehistory of Europe*, MacDonald Institute for Archaeological Research, Cambridge 2000, s. 139–141) i haplotypami australijskimi i nowogwinejskimi (rysunek 2 z: Redd A.J., Stoneking M., *Peopling of Sahul: mtDNA variation in Aboriginal Australian and Papua New Guinean populations*, „American Journal of Human Genetics" 1999, nr 65, s. 808–828). Zob. także na temat chromosomu Y: Karafet T.M. et al., *Ancestral Asian source(s) of New World Y-chromosome founder haplotypes*, „American Journal of Human Genetics" 1999, nr 64, s. 817–831. Co najważniejsze, żaden z unikatowych europejskich kladów Y lub mtDNA nie został znaleziony u Aborygenów australijskich pełnej krwi.

113 Foley R., Lahr M.M., op. cit., zob. również dyskusję w: McBrearty S., Brooks A.S., op. cit. s. 480–485.

114 Foley R., Lahr M.M., op. cit.

115 McBrearty S., Brooks A.S., op. cit.

116 Ibid.

117 Ibid.; Joshi R.V., *South Asia in the period of Homo sapiens sapiens up to the beginnings of food production (Upper Palaeolithic and Mesolithic)*, w: S.J. De Laet (red.), *The History of Humanity*, t. 1, Routledge, Paris–London UNESCO 1994, s. 256–258.

118 McBrearty S., Brooks A.S., op. cit., s. 524.

119 Ibid., s. 524.

120 Ibid., s. 526.

121 Clottes J. et al., *Radiocarbon dates for the Chauvet-Pont-d'Arc cave*, „International Newsletter on Rock Art (INORA)" 1995, nr 11, s. 1–2.

122 McBrearty S., Brooks A.S., op. cit.

123 Bednarik R., *Palaeolithic art in India*, „Man and Environment" 1993, nr 18 (2), s. 33–40.

124 Od znalezisk w La Gravette w departamencie Dordogne w południowo-zachodniej Francji (przyp. tłum.).

125 Tabela 8.2 w: Gamble C., op. cit.; Pettitt P.B., Bader N.O., *Direct AMS radiocarbon dates for the Sungir mid- Upper Palaeolithic burials*, „Antiquity" 2000, nr 74, s. 269–270.

126 McBrearty S., Brooks A.S., op. cit.

127 Ibid.; Stringer C., *Coasting out of Africa*, „Nature" 2000, nr 405, s. 24–27.

128 McBrearty S., Brooks A.S., op. cit.

129 Walter R.C. et al., *Early human occupation of the Red Sea coast of Eritrea during the last interglacial*, „Nature" 2000, nr 405, s. 65–69; McBrearty S., Brooks A.S., op. cit., s. 530.

130 McBrearty S., Brooks A.S., op. cit.; Joshi R.V., op. cit.; zob. także raport o niegeometrycznych mikrolitach na plaży w warstwie datowanej na 64 000–75 000 lat temu na Sri Lance: Deraniyagala S.U., *Prehistory of Sri Lanka*, Department of Archaeological Survey, Government of Sri Lanka 2001, s. 685–702.

131 McBrearty S., Brooks A.S., op. cit.

Rozdział 3

Dwie linie Europejczyków

Jak już się przekonaliśmy, drażliwą kwestią pochodzenia Europejczyków nie jest pytanie, czy wyszli z Afryki razem z Azjatami i Australijczykami, czy oddzielnie, lecz próba obalenia mitu, że byli pierwszymi humanoidami zachowującymi się rozumnie. Chodzi jeszcze o coś więcej. Gdzie narodziła się ta tak wspaniale rozkwitła kultura? Czy w całości wyrosła na miejscu, czy została importowana? Dlaczego niektórzy archeolodzy upierają się przy istnieniu kilku wczesnych napływów kulturalnych do Europy – nawet ze Wschodu – w okresie od 20 000 do 50 000 lat temu? W tym rozdziale zobaczymy, że istnieją precyzyjne męskie i żeńskie znaczniki genetyczne, zgodne z dwiema falami przemian kulturowych, jakie jedna po drugiej według zapisów archeologicznych napłynęły do Europy w ciągu 25 000 lat poprzedzających ostatnie maksimum lodowcowe. Pokazuje to, że „wschodnie" pochodzenie nie jest niedorzecznym pomysłem.

W rozdziale 1 zobaczyliśmy, że przodkowie Europejczyków z klanu N (czyli Nasreen) należeli do jednej z najwcześniejszych gałęzi odszczepionych od pierwszego rzutu exodusu, który dotarł do południowej Arabii 80 000 lat temu. Pomimo tej doskonałej pozycji u korzeni azjatyckiego, macierzyńskiego drzewa genetycznego przodkowie Europejczyków musieli czekać dziesiątki tysięcy lat w Azji Południowej. Czekali przynajmniej 50 000 lat, aż wilgoć w okresie ocieplenia zazieleniła pustynię na Półwyspie

Arabskim wystarczająco, by otworzyć Żyzny Półksiężyc i pozwolić na migrację na północny zachód w stronę Turcji i Lewantu. Takich ograniczeń nie mieli ich kuzyni – straż przednia zbieraczy plażowych, którzy parli wokół Oceanu Indyjskiego do Azji Południowo-Wschodniej i Australii. Dotarli do Australii ponad 60 000 lat temu, na długo przed skolonizowaniem Europy.

Z azjatyckiego punktu widzenia Europa jest niedostępnym półwyspem wystającym na północny zachód z lądu Starego Świata, rodzajem ślepego zaułka. Genetycznie, podobnie jak geograficznie, Europejczycy są odgałęzieniem ludzkiego drzewa o afrykańskich korzeniach. Ponieważ pierwsi nieafrykańscy ludzie rozumni byli Azjatami, „półwysep Europa" odgrywał w najwcześniejszym okresie górnego paleolitu rolę raczej beneficjenta i odbiorcy ziaren innowacji kulturalnych niż ich rozsadnika. Z tego powodu ostatni rozdział został poświęcony obaleniu archeologiczno-antropologicznego mitu o tym, że główna rewolucja biologiczna w ewolucji ludzkości zaszła w Europie i Lewancie i promieniowała z Europy na resztę świata.

PIERWSI ROZUMNI EUROPEJCZYCY

W ostatnim rozdziale zobaczyliśmy, że nasi kuzyni neandertalczycy przed swoim zniknięciem około 28 000 lat temu zaczęli poznawać przydatne nowe technologie. To częściowe rozmycie kulturalnego rozróżnienia neandertalczyków i ludzi rozumnych nie oznacza, że archeolodzy *nie potrafią* wyśledzić bardzo wyraźnych kulturalnych śladów znaczących ruchy najwcześniejszych ludzi rozumnych w Europie. Wprost przeciwnie, jeszcze wcześniej niż 30 000 lat temu kilka takich tradycji, szczególnie powiązanych z ludźmi rozumnymi, rozprzestrzeniło się gwałtownie i sukcesywnie w całej Europie. Daty i kierunki ich rozprzestrzeniania się były różne i nadawano im różne nazwy, zależnie od stylu używanych narzędzi i miejsc, gdzie te narzędzia znajdowano. Natura wczesnych kultur ludzi rozumnych w Europie była bardzo zróżnicowana i niektórzy archeolodzy klasyfikują je szeroko, zaliczając do dwóch fal. Koncepcję wędrówki

można ująć nawet szerzej, nie ograniczając jej tylko do dyfuzji kulturalnej, sugerując dwie różne migracje ludzi i powiązanych z nimi kultur. Pierwsza fala, która przetoczyła się ponad 46 000 lat temu, jest znana jako oryniacka od wsi Aurignac (Górna Garonna) w południowej Francji, gdzie zostały znalezione typowe dla niej artefakty. Fala późniejsza, głównie z okresu od 21 000 do 30 000 lat temu, jest nazywana grawecką od francuskiego stanowiska archeologicznego La Gravette w regionie Périgord i charakteryzuje się ostrzami z jednej strony stępionymi, jak w scyzoryku, oraz ostrzami ze szpicem[132].

Istnieje tendencja przypisywania rozprzestrzeniania się idei masowym migracjom ludzkim. Jednakże, jak pokazuje nowsza historia, idee i umiejętności mogą się przenosić między populacjami szybciej i skuteczniej, niż następuje przemieszczanie się samych ludzi. Wydaje się jednak, że dla pierwszego skolonizowania Europy przez ludzi rozumnych istnieje dowód genetyczny poświadczający przynajmniej dwie oddzielne migracje powiązane z dwoma napływami przyniesionych przez nie tradycji kulturalnych.

PIONIERZY KULTURY ORYNIACKIEJ

Górnopaleolityczna kultura oryniacka po raz pierwszy pojawiła się w Europie w Bułgarii, dokąd prawdopodobnie dotarła z Turcji około 50 000 lat temu. Zaraz potem nowy styl kamiennych narzędzi dotarł w górę Dunaju do Istállósko na Węgrzech, a potem dalej na zachód wzdłuż Dunaju do Willendorfu w Austrii. Wytrwale posuwając się w górę rzeki na zachód od Morza Czarnego, ostatecznie kultura oryniacka dotarła do Geißenklösterle w Niemczech. Jednakże na długo przedtem wędrowała także z południa Austrii do północnych Włoch. Stamtąd rozprzestrzeniła się szybko na zachód wzdłuż wybrzeża, przez Pireneje i El Castillo w północnej Hiszpanii, by ostatecznie 38 000 lat temu dotrzeć do portugalskiego wybrzeża Atlantyku[133] (rysunek 3.1).

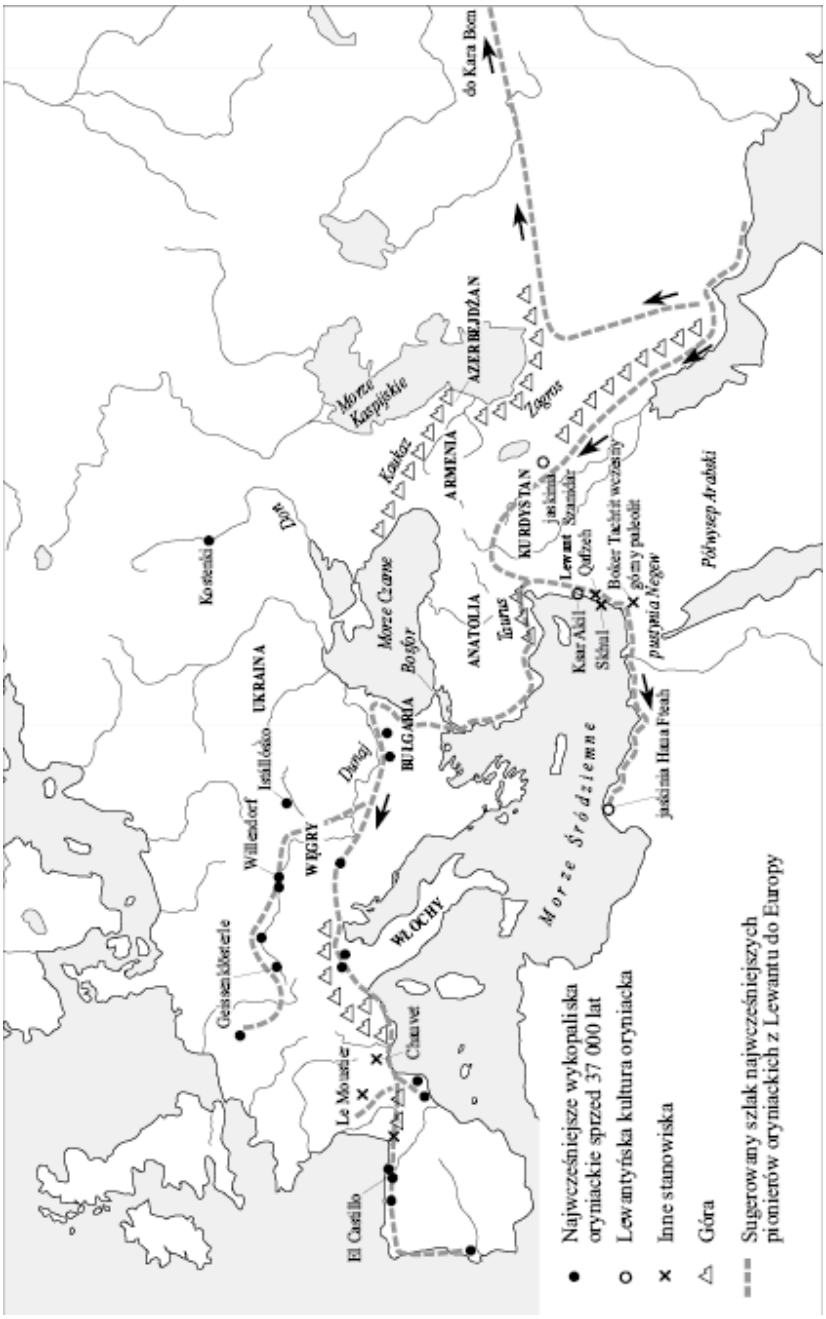
Tradycja kultury oryniackiej przetrwała w tej czy innej formie znacznie dłużej i w odpowiednim czasie została jednoznacznie powiązana z pozostałościami szkieletów ludzi rozumnych; ale to wczesne, gwałtowne rozprzestrzenianie się w regionach, w których poprzednio panowała wyłącznie kultura średniego paleolitu, sugeruje wystąpienie rzeczywistej kolonizacji. Brakuje wyraźnie datowanych źródeł archeologicznych dla stylów narzędzi oryniackich poza Europą wcześniejszych niż 47 000 lat temu, ale najlepszym kandydatem jest Bliski Wschód. Belgijski archeolog Marcel Otte sugeruje, że ojczyzną oryniackich technik obróbki kamienia były góry Zagros (część Żyznego Półksiężyca), co odpowiada mojemu uznaniu Żyznego Półksiężyca za paleolityczny korytarz do Lewantu. Trasa, którą pierwsi ludzie rozumni dotarli do Europy, wiodła najprawdopodobniej przez Bosfor (który w tym okresie był suchy, a Morze Czarne pozostawało słodkowodnym jeziorem)[134].

DOPASOWANIE GENÓW DO DAT NA KAMIENIACH

Czy zachowały się jakiekolwiek ślady genetyczne tego pierwszego dotarcia do Europy? Zdumiewające jest istnienie tylko jednej linii mitochondrialnej, sięgającej tak dalekiej europejskiej starożytności i wywodzącej się od przodka na Bliskim Wschodzie. Innymi słowy, wskazuje to, że Europa najprawdopodobniej została na początku skolonizowana przez pojedynczą grupę. Do uzasadnienia tego poglądu nie wystarczy sięgnięcie do „podręcznika historii genetycznej" i odszukanie właściwej linii z odpowiednią datą – taka księga nie istnieje[135]. Dopiero zaczynamy rozsupływać splątaną genetycznie prehistorię Europy. Na początku ostatnich 50 000 lat mieliśmy w Europie liczne ruchy populacyjne i wielkie wymierania w epoce lodowcowej. Wojny, inwazje i późniejsze migracje tam i z powrotem między Europą i Bliskim Wschodem gwałtownie mieszały w europejskim tyglu przy wielu okazjach.

Międzynarodowy zespół trzydziestu siedmiu badaczy pod kierownictwem genetyka ewolucyjnego Martina Richardsa, obecnie

z Uniwersytetu Huddersfield w Wielkiej Brytanii, zbierał dostępne dane o mtDNA w celu odkrycia owej historii genetycznej. Badacze przejrzeli wszystkie istniejące bazy danych mitochondrialnego DNA w Europie i za pomocą starannie przygotowanego zestawu zasad wykrywali i eliminowali błędy, takie jak efekty migracji wstecznych, by zidentyfikować w Europie jedenaście linii założycielskich i osiemnaście potencjalnych linii źródłowych na Bliskim Wschodzie[136].



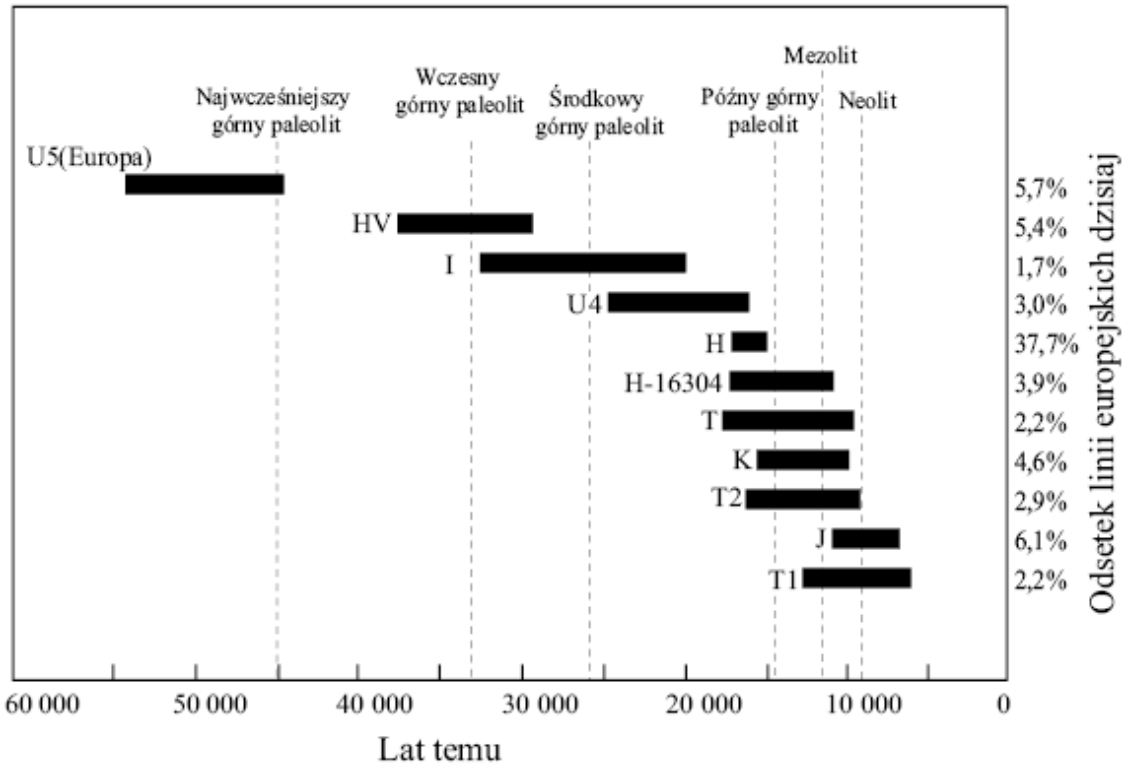
Rysunek 3.1. Mapa sugerowanych tras pionierów oryniackich docierających do Europy wcześniej niż 37 000 lat temu. Zaznaczono tylko najstarsze tereny występowania tej kultury (pełne kółka) – łącząca je linia przerywana pokazuje naturalne trasy wzdłuż rzek, obniżeń terenu i wybrzeży. Zaprezentowano też równoległą trasę z gór Zagros do Kara-Bom w rosyjskim Ałtaju.

Za pomocą zegara genetycznego Richards i jego współpracownicy datowali zarówno linie źródłowe na Bliskim Wschodzie, jak i linie

założycielskie w Europie (rysunek 3.2). Cztery linie źródłowe (na rysunku J, T, U5 i I) w Lewancie można by datować między 45 000 a 50 000 lat temu, sugerując, że sam Bliski Wschód został skolonizowany mniej więcej w tym czasie przez linie córek i wnuczek Nasreen. Jak widać z rysunku 3.3, istniały oczywiście linie prawnuków i praprawnuków w linii żeńskiej pochodzące od L3, naszej jedynej pozaafrykańskiej Ewy. Nawet przyjmując szeroki margines datowania mtDNA od 45 000 do 55 000 lat temu, nadal pozostajemy w górnym paleolicie, co pasuje do okresu kolonizacji Bliskiego Wschodu[137].

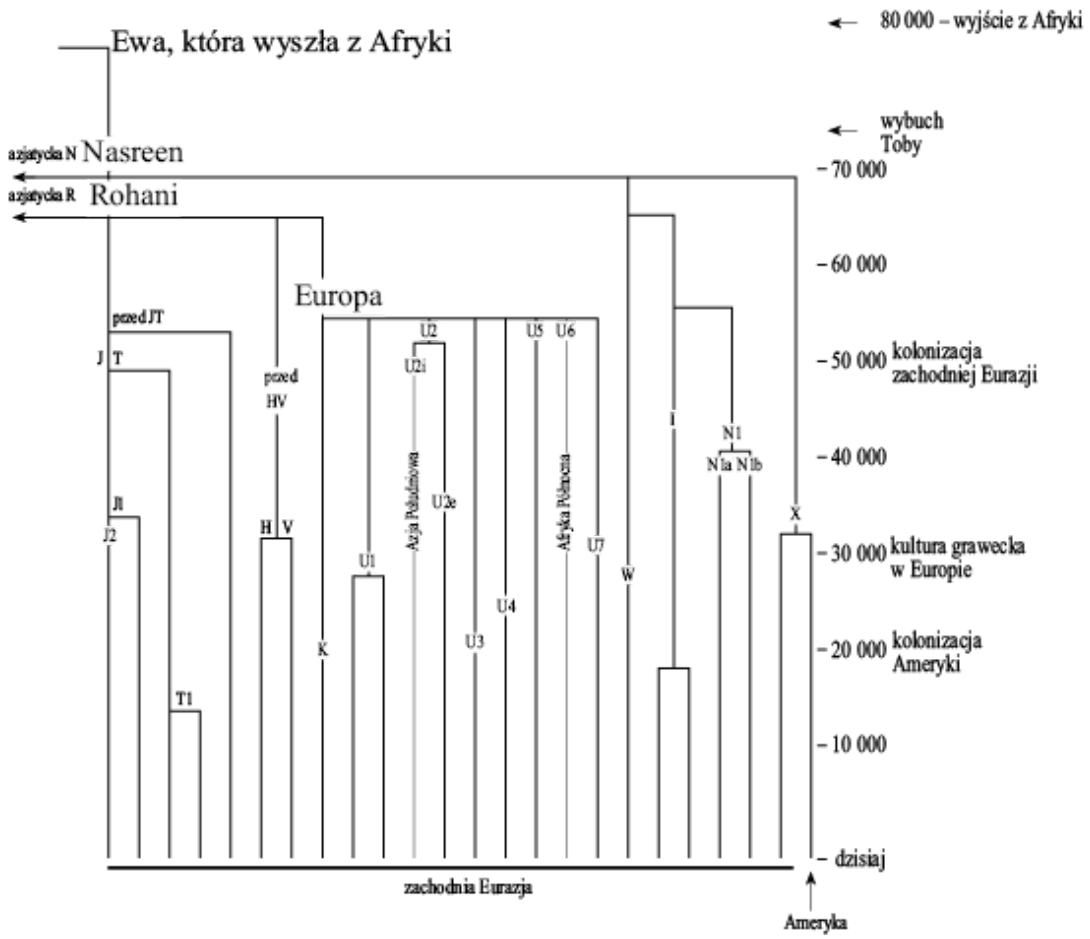
PIĄTA CÓRKA EUROPY

Być może najbardziej zdumiewającym wnioskiem z tego kompleksowego przeglądu europejskiej matriarchalnej prehistorii genetycznej jest identyfikacja i datowanie pierwszej europejskiej linii źródłowej U5. Na początku tylko U5, prawnuczka jednej z czterech lewantyńskich założycielek, dotarła do Europy (rysunek 3.4). Klan europejski jest charakterystyczny dla Europy i Bliskiego Wschodu. Pomimo swej starożytności jego śladów genetycznych nie znaleziono we wschodniej Azji i jego zasięg ogranicza się do Lewantu, okolic Zatoki Perskiej i zachodniej części Azji Środkowej, krajów wokół Morza Śródziemnego i Europy ze starożytnym odgałęzieniem-córką U2 i w Indiach.



Rysunek 3.2. Oszacowanie dat dotarcia (95% poziomu zaufania) linii mtDNA ludzi rozumnych z Bliskiego Wschodu do Europy na podstawie analizy linii założycielskich. Najstarsza linia z Europy (U5) odpowiada okresowi najwcześniejszego górnego paleolitu europejskiego, a następująca po niej linia HV koresponduje z wczesnym górnym paleolitem, I zaś odpowiada środkowemu górnemu paleolitowi.

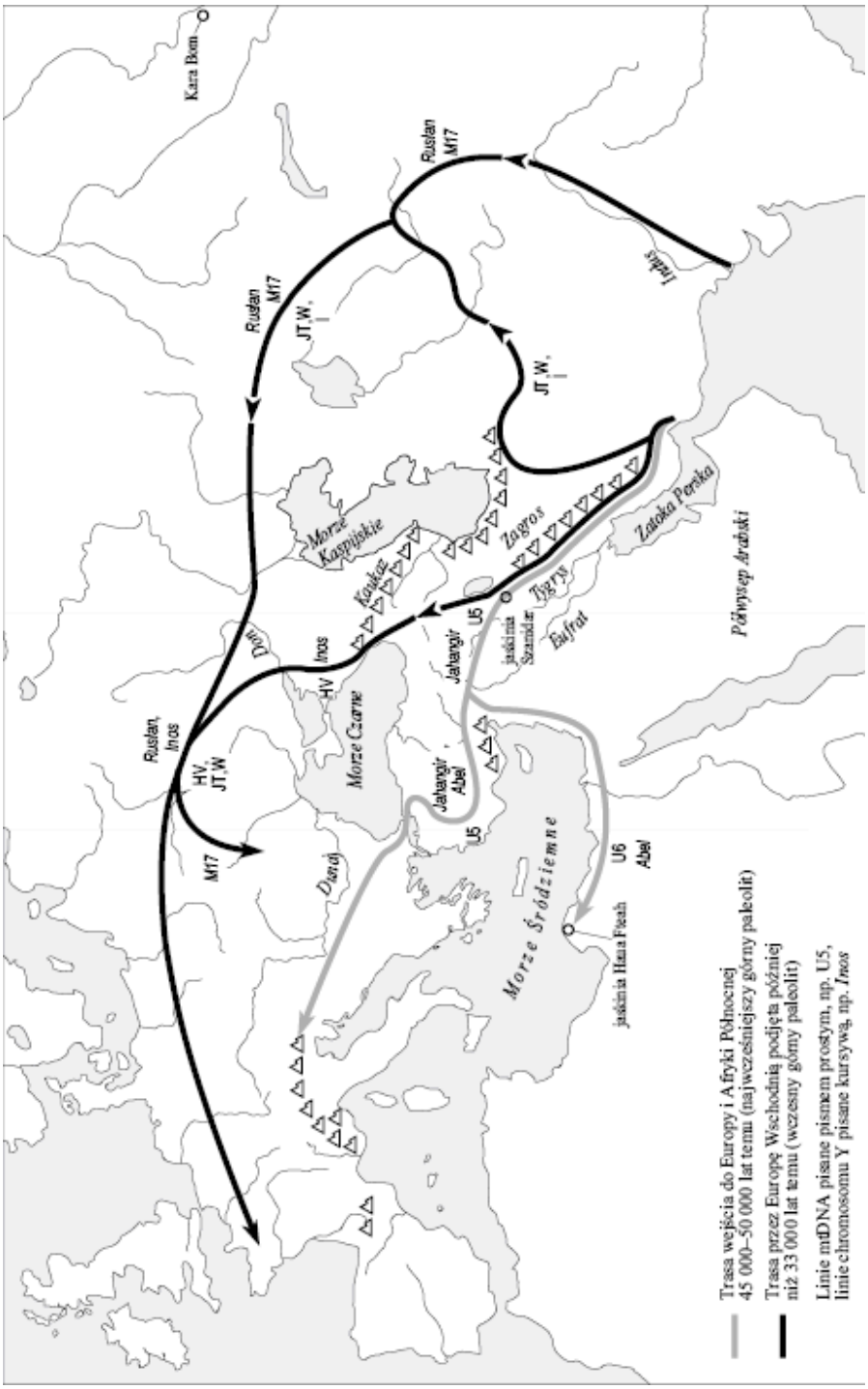
Historia całego klanu na Bliskim Wschodzie przekracza 50 000 lat. Zgodnie z zegarem molekularnym, nasza piąta córka europejska U5 jest również datowana na 50 000 lat i reprezentuje najwcześniejszą linię, jaka dotarła do Europy 15 000 lat przed następną europejską linią założycielską. W jaki jednak sposób sygnał genetyczny Europy dotarł do Bliskiego Wschodu i przez linię-córkę U5 do Europy między 54 400 a 50 000 lat temu, skoro archeolodzy datują pierwsze pojawienie się górnego paleolitu w Lewancie i najwcześniejsze cechy oryniackie w Bułgarii odpowiednio na 47 100 i 46 000 lat? Tę różnicę można wyjaśnić systematycznym niedoszacowaniem dat radiowęglowych dla wieku powyżej 40 000 lat, które wynika z efektu nasycenia[138].



Rysunek 3.3. Zachodnioeuropejskie drzewo mtDNA. Jak widać, nie pojawia się tutaj linia Manju i choć klany Nasreen i Rohani przypadają na okres od 65 000 do 70 000 lat temu, ekspansja linii zachodnioeuroazjatyckich pojawia się dopiero później niż 55 000 lat temu, co odpowiada przemieszczeniu z południowej Azji na północny zachód. Połączenia z Indiami, Afryką Północną i Ameryką (zob. rozdział 7) zaznaczone jaśniejszym odcieniem. Datowanie oparte na pełnej analizie następstwa mtDNA (zob. rozdział 1).

Choć linia U5 w sposób oczywisty miała początek na Bliskim Wschodzie mniej więcej w tym samym czasie, gdy dotarła do Europy, jej potomstwo znajdujemy teraz jedynie lokalnie w okolicach zamieszkiwanych przez mniejszości żyjące głównie w Turcji i w zakaukaskich regionach Turcji i Iranu (rysunek 3.4). Do tych mniejszości zaliczamy Turkmenów, Ormian, Azerów i Kurdów, żyjących na obszarze starożytnego Żyznego Półksiężyca, rozciągającego się od Turcji i Zakaukazia na południowy wschód

wzdłuż gór Zagros przez Irak i Iran. Żyzny Półksiężyc obejmuje Kurdystan, ostatecznie tworząc korytarz równoległy do Mezopotamii, lecz biegnący na północ od niej w stronę wybrzeża Zatoki Arabskiej, łącząc w ten sposób Lewant z Oceanem Indyjskim. Co istotne, linia U5 prawie nie występuje w Arabii, więc oczywiście przodkowie tych ludzi nie mogli stanowić pierwotnego źródła populacji dla pierwszej oryniackiej kolonizacji Europy.



Rysunek 3.4. Sugerowane trasy docierania linii genetycznych do Europy. Linie szare, odpowiadające najwcześniejszemu górnemu paleolitowi, koncentrują się wokół Morza Śródziemnego (rysunek 3.1), linie czarne dotyczące późniejszego wczesnego górnego paleolitu podążają z Europy Wschodniej głównie do Europy

Zachodniej i Północnej (datowanie linii chromosomu Y jest mniej pewne niż datowanie linii mtDNA.).

Czy rzeczywiście mamy jakieś ślady genetyczne dokładnie pasujące do szybkich przesunięć oryniackich wytwórców narzędzi przez Europę Środkową na zachód aż do Pirenejów i Hiszpanii wcześniej niż 40 000 lat temu? Choć U5 jest teraz w Europie wszechobecna, wiemy na pewno, że najstarsza europejska prawnuczka, U5a, datowana na około 40 000 lat temu, najpowszechniej występuje w Kraju Basków w północnej Hiszpanii. Jedno z nielicznych europejskich miejsc schronienia podczas ostatniej epoki lodowcowej, Baskonia, zachowało więcej oryginalnej różnorodności genetycznej niż inne części Europy Zachodniej.

U5 jest więc jedyną przetrwałą do dziś europejską córą linii identyfikującej pierwszych europejskich przodków sprzed 50 000 lat o typie dzielonym z Ormianami, ludami tureckimi, Azerami i Kurdami. Co wiemy o jej rodzinie, skąd przywędrowała i kim były jej siostry? Analiza drzewa genetycznego (rysunek 3.3) ukazuje nam genealogię, którą możemy zrelacjonować w stylu biblijnym: Europa była genetyczną córką Rohani, która była genetyczną córką Nasreen, która była genetyczną córką L3, która opuściła Afrykę. Jaką jednak drogą europejski klan żeński dotarł do Lewantu i gdzie narodziła się jego córka U5, która skolonizowała Europę? Korzeni typów Nasreen i Rohani nie znajdujemy nigdzie poza Azją Południową, gdzie typów Nasreen jest niewiele, a linia Rohani cechuje się wielką różnorodnością. Większości typów Rohani z Indii nie znajdujemy nigdzie więcej, a wielka ich różnorodność w Indiach pozwala nam oszacować, kiedy jej linia zaczęła się rozprzestrzeniać. Było to przynajmniej 55 000 lat temu, czyli przed przybyciem Europy, córki Rohani, do Lewantu, co stanowi silny argument za uznaniem Azji Południowej za ostateczną kolebkę linii europejskich. Wydaje się, że nawet to datowanie nie doszacowuje wieku klanu Rohani, jego wiek w Azji może bowiem znacznie przekraczać 55 000 lat: jako znacznie starsze oceniamy dwie azjatyckie podgrupy Rohani znalezione w Chinach[139].

PIERWSZE TRZY Z SIEDMIU CÓREK EUROPEJSKICH MIAŁY PO 50 000 LAT

Piąta córka genetyczna z klanu Europy miała siostry: Europa miała ich siedem, lecz tylko dwie osiągnęły wiek zbliżony do U5. Były to U6 i U2i, ale żadna z nich nie była charakterystyczna dla Europejczyków. Na U6 trafiliśmy już w Afryce Północnej. Jako niepowtarzalny identyfikator Berberów ma ten sam wiek (55 000 lat), co U5 – a to sugeruje, że U5 przeszła z Turcji na północny zachód do Europy, a U6 wzdłuż południowego wybrzeża Morza Śródziemnego do Afryki Północnej. Być może mamy nawet fizyczny dowód przybycia z Lewantu północnoafrykańskich pionierów. Narzędzia z wczesnego okresu górnego paleolitu znalezione na libijskim wybrzeżu na stanowisku Haua Fteah, datowane na okres wcześniejszy niż 40 000 lat temu, być może są związane z tą wczesną inwazją[140].

Trzecia z liczących sobie 50 000 lat cór genetycznych klanów europejskich narodziła się z dala od libijskich Berberów, gdzieś na wybrzeżu Oceanu Indyjskiego. Obejmująca 9,5% wszystkich żeńskich linii indyjskich i 78% indyjskich linii europejskich U2 narodziła się niewątpliwie w tym regionie Indii 53 000 lat temu. U2i nie ma w Lewancie i w Europie, gdzie znajdujemy jedynie jej niewielką wersję gałęzi, U2e, liczącą od połowy do dwóch trzecich jej wieku[141] (rysunek 3.3).

Kolejnym czynnikiem, który wskazuje na Azję Południową jako źródło pochodzenia przodków klanu europejskiego, jest znalezienie tam korzeni typu europejskiego oraz pochodzenie innej gałęzi europejskiej U7, która następnie drobną strużką dotarła na Bliski Wschód i do Europy[142].

OTWARCIE KORYTARZA ŻYZNEGO PÓŁKSIĘŻYCA

Nasze żeńskie drzewo genetyczne ostatecznie zatem sugeruje pochodzenie najstarszych Europejczyków z Azji Południowej sprzed

50 000 lat. Aby dotrzeć dalej na północ do Anatolii, musieli obejść pustynie Półwyspu Arabskiego przez korytarz Żyznego Półksiężyca. Przyjmując znaczny margines błędu zegara molekularnego dla wędrówki z gór Zagros i znad Zatoki Perskiej w południowo-zachodnim Iranie, powinniśmy spojrzeć na tę migrację w kontekście klimatycznym. Najdokładniejsze datowanie umożliwia zaś badanie słojów drzew. Jak już wskazałem w rozdziale 1, Żyzny Półksiężyc był suchy i niedostępny przez większość ostatnich 100 000 lat, otwierając się jedynie w krótkich okresach poprawy klimatu zwanych okresami międzylodowcowymi lub interglacjałami (rysunek 1.7).

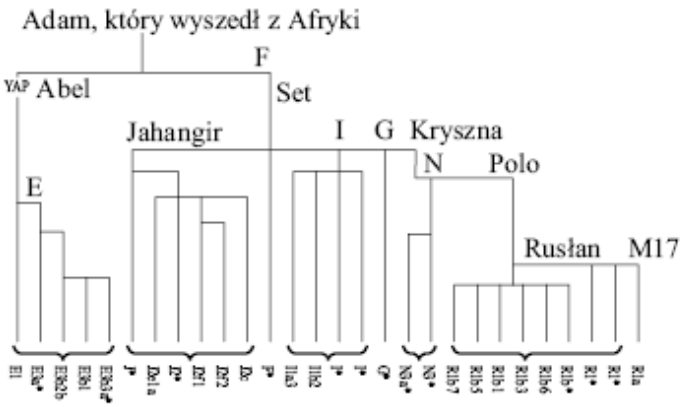
Między 55 000 a 65 000 lat temu świat przeszedł przez okres niemal nieustającego zimna i suszy. W tym czasie korytarz przez Żyzny Półksiężyc był zamknięty. Potem, później niż 56 000 lat temu, nadszedł krótki czas następujących po sobie czterech ciepłych i wilgotnych okresów. Ostatni z nich, wcześniej niż 51 000 lat temu, był najcieplejszy i najdłuższy i trwał niemal 5000 lat. Był tak ciepły i wilgotny, że indyjskie monsuny stały się nawet wilgotniejsze niż dziś i poza otwarciem korytarza przez Żyzny Półksiężyc, suche obszary Lewantu takie, jak pustynia Negew stały się potencjalnie zdatne do zamieszkania przez wytwórców narzędzi z górnego paleolitu. Jeżeli kiedykolwiek mieliśmy czas na rozmnożenie się w Azji Południowej i rozprzestrzenienie do Lewantu, to właśnie wtedy. Wskazówki zegarów klimatycznego i archeologicznego zbiegają się w tym wyjątkowo bujnym okresie od 45 000 do 50 000 lat temu. Wygląda więc na to, że niedługo wybije zegar molekularny odliczający czas do najwcześniejszego pojawienia się w Lewancie linii cór Nasreen i ich rodzin[143].

HISTORIA ADAMA

A więc mamy historię narodzenia żeńskiego klanu Europy gdzieś w południowej Azji ponad 50 000 lat temu. Całkowita nieobecność w Europie i Lewancie dominującego w Indiach klanu Manju sugeruje, że Europa mogła się narodzić na zachód od Indii, nawet u podstawy

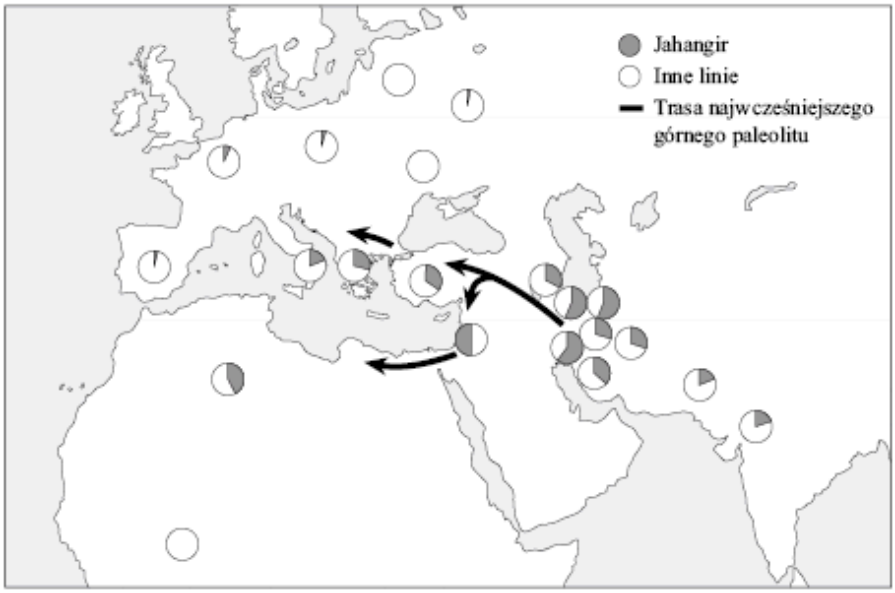
Żyznego Półksiężyca w pobliżu starożytnego miasta Ur nad Zatoką Perską. Oczywiście tam gdzie są matki, są również ojcowie. W rozdziale 1 pokrótce opisałem pojedynczą wywodzącą się z Afryki linię Adama i jego trzech synów Kaina, Abla i Seta, którzy opuścili Afrykę trasą południową, by zaludnić świat. Wszystkich trzech synów genetycznych łączy to samo wyjście z Afryki[144]. Czy ta szczególna trasa trzech synów Adama, który wyszedł z Afryki, wiodąca z Azji Południowej, jest odbiciem historii dwóch córek Ewy, która wyszła z Afryki? Zgadza się; geograficzna historia potomków przynajmniej jednej linii Y Seta jest nawet bardziej specyficzna od historii Europy – choć trudna do datowania. (Dla drugiej linii Abla lub typu YAP ten argument może rozwiązać jedną z największych łamigłówek męskiej prehistorii genetycznej, zob. rozdział 4). Jak w historii córek Europy, musimy w poszukiwaniach cofać się od gałązek do konarów, aby dowiedzieć się, w jakim kierunku męski ród podążył.

Potomkowie Seta, syna Adama, który opuścił Afrykę (rysunek 3.5), są najliczniejsi w świecie poza samą Afryką. Typ jednego z pięciu synów Seta dominuje na Środkowym Wschodzie, obejmuje od jednej czwartej do połowy wszystkich męskich mieszkańców obszaru między Iranem i Morzem Śródziemnym. Zgodnie z uzgodnioną reklasyfikacją oznacza się go jako J, lecz będę go nazywać Jahangirem, dla zaznaczenia jego domniemanego południowoazjatyckiego pochodzenia. Na zachodzie i południu Eurazji podąża on śladami rozprzestrzeniania się klanu Europy. Północno-wschodnie wybrzeże Morza Śródziemnego notuje najwyższe europejskie zasiedlenie tej linii genetycznej. Linia Jahangira występuje najczęściej w Lewancie (30–60%), natomiast największa europejska częstotliwość w Anatolii to około 40%, następnie plasują się Bałkany i Włochy z 20–30%. Choć Jahangira znajdujemy w całej Europie, tak wysokie częstotliwości koncentrują się nad Morzem Śródziemnym. Wysokie częstotliwości występują także w Afryce Północnej, na przykład 41% w Algierii[145].



	Abel	Jahangir	M89	Inos	G	TAT /N	Rusłan	M17
Europa Zachodnia	0	0	0	3	0	0	4	0
Europa Wschodnia	0	0	1	2	0	3	0	3
Wybrzeże Morza Śródziemnego	2	2	0	1	1	0	1	2
Turcja i Lewant	2	3	0-2	0	0	0	0	0
Region płd. Kaukazu	0-1	1-3 (4 w Zagros)	0	0	2	0	1-3	0-2
Kurdowie i Turkmeni (zach. Azja Środkowa)	0	1-2	1-3	0	0	0	2-3	1
Indie i Pakistan (Azja Południowa)	0	1	0-2	0	0	0	1	3

Klucz: 0=<7%; 1=7-20%; 2=20-30%; 3=30-50%; 4=>50%



Rysunek 3.5. Zachodnioeurazjatyckie drzewo chromosomu Y, rozkład geograficzny i trasy wejścia. Jest to jeden z podzbiorów ośmiu głównych grup genetycznych Y zachodniej Eurazji (uzgodnione kody na końcu każdej gałęzi). W tabeli podano zgrubną częstotliwość tych samych ośmiu grup w różnych regionach Europy i cztery potencjalne trasy przemieszczenia z Azji Południowej, na przykład Rusłan i M17 najwyraźniej dotarły przez Europę Wschodnią, a wysokie notowania w Turcji

i w basenie Morza Śródziemnego wskazują na dotarcie do Europy od południa, co zostało pokazane na mapie, gdzie wysokim notowaniom Jahangira towarzyszy spadająca różnorodność od Pakistanu do basenu Morza Śródziemnego.

Ten rozkład wokół Morza Śródziemnego odzwierciedla rozprzestrzenienie linii U5 i U6 sprzed 50 000 lat, więc rodzi się pokusa spojrzenia wstecz dalej na południe i wschód w poszukiwaniu pochodzenia Jahangira. Gdy posuwamy się tym śladem w dół Żyznego Półksiężyca przez Kurdystan, im dalej wędrujemy na południowy wschód, tym gorętszy staje się klimat. Klan Jahangira, liczący w Iranie ponad 35% osobników w populacji, osiąga 55% w południowych rejonach kaspijskich i 59% w górach Zagros dalej na południe. Jahangira znajdujemy wciąż, posuwając się dalej na południe w Pakistanie i w Indiach, a także w Azji Środkowej i na Syberii, ale linia ta występuje tam już nie tak często[146].

Oczywiście sama częstotliwość nie może nam powiedzieć, skąd klan się wywodzi, ale w tej sytuacji pomóc może różnorodność linii genetycznych. Pracujący w Paryżu zespół pod kierownictwem genetyka Lluisa Quintana-Murci dowodzi, że ostatecznym miejscem pochodzenia klanu Jahangira są góry Zagros na południu Kurdystanu – starożytna kraina Elam na północno-wschodnim wybrzeżu Zatoki Perskiej. Mają ku temu istotne powody, gdyż rejon Zagros cechuje największe na świecie zróżnicowanie typów Jahangira. Jak wspomniałem wcześniej, kalibracja i metody datowania chromosomu Y są tylko w niewielkiej mierze uzgodnione i większość metod datowania zaniża wyniki; jedna ocenia wiek Jahangira w Europie na 37 000 lat, w Iranie na 55 000 lat, a dalej na południu Indii na 62 000 lat. Te daty mogłyby się zgadzać z żeńską historią genetyczną, ale dla innych linii Y badanych innymi metodami wiek jest znacznie krótszy[147].

Zobaczyliśmy, w jaki sposób można nakreślić wspólny obraz archeologicznej, klimatycznej i genetycznej historii pierwszego wkroczenia ludzi rozumnych do Lewantu, a stamtąd do Europy i Afryki Północnej mniej więcej od 50 000 lat temu. To południowoazjatyckie pochodzenie Europejczyków kontrastuje z powszechnym przekonaniem o trasie wiodącej z Afryki Północnej

przez wschodnią część basenu Morza Śródziemnego do Europy, którego dowód ma nikłe podstawy.

Możemy za to śledzić daty i miejsca od Zatoki Perskiej w górę Żyznego Półksiężyca wzdłuż krawędzi pasma Zagros. Ciepły okres międzylodowcowy zapewnił warunki klimatyczne sprzyjające migracji w górę Żyznego Półksiężyca przez Kurdystan. Istnieją dowody archeologiczne poświadczające, że kultura oryniacka wywodzi się z gór Zagros. Pierwsi jej reprezentanci pojawili się w Europie w Bułgarii niedaleko Bosforu około 47 000 lat temu. Gdy szukamy genetycznego odpowiednika takiej migracji, trafiamy na wczesną kolonizację Bliskiego Wschodu sprzed 50 000 lat przez liczne linie żeńskie, wywodzące się z południa, lecz teraz charakterystyczne dla zachodniej Eurazji. Nie ma żadnych śladów genetycznego wywodzenia się tych linii z Afryki Północnej, co logicznie wskazuje na exodus południowoazjatycki. Trzy żeńskie linie cór klanu Europy pojawiają się mniej więcej w tym samym czasie w procesie kolonizacji Lewantu, odpowiednio, jako źródła dla Indii, Afryki Północnej i Europy. Ostatecznie wsparcie dla linii żeńskich można zauważyć w wywodzącej się również z Azji Południowej męskiej linii Jahangira, pomimo sporów, jakie budzi jej datowanie.

DRUGA INWAZJA NA EUROPĘ: LUDZIE KULTURY GRAWECKIEJ

Ze środkowowschodniego mętliku linii Nasreen Martin Richards z kolegami wyplątali nić drugiej europejskiej migracji i drugą zdumiewającą, acz odmienną historię. Ten drugi klan migrujący do Europy nazwali HV, nawiązując do dwóch potomnych gałęzi żeńskich H i V, które dziś znajdujemy w całej Europie (rysunki 3.2, 3.3 i 3.4). Druga potomna linia żeńska V pojawiła się w południowo-zachodniej Europie nie od razu, lecz dopiero znacznie później. Potomkowie z linii H dostarczyli północnej i zachodniej Europie połowę wszystkich linii żeńskich; szczególnie słowiańskich, fińskich i germańskich – to coś całkiem odmiennego od bardzo wczesnej historii U5. Ekspansję HV datujemy na około 33 500 lat temu –

ponad 15 000 lat po U5 oraz 7500 lat przed następnym przybyszem. Naprawdę interesujące jest to, że HV jest znacznie młodsza na Bliskim Wschodzie (26 500 lat) niż w Europie (ponad 33 000 lat) i duży jej udział pochodzi ze wstecznej emigracji z Europy. Skłania to do wykluczenia Lewantu, Anatolii i Bułgarii jako ojczyzny i regionu źródłowego HV, musimy więc poszukiwać trasy, którą HV dotarła do Europy z pominięciem Lewantu i Anatolii[148].

Grupa estońskich genetyków pod kierownictwem Richarda Villemsa i Toomasa Kivisilda, których ważna praca dotycząca roli mtDNA wysunęła na czoło paleolityczną historię genetyczną Indii, dowodzi, że najwcześniejsze korzenie HV znaleziono w Azji Południowej (w północno-wschodnich Indiach i w Kaszmirze, być może sprzed 40 000 lat), ale to na Zakaukaziu nastąpił pierwszy zachodnioeurazjatycki rozkwit tej linii[149] (rysunek 3.4).

Wielu ludziom, łącznie ze mną, słowo „Kaukaz" kojarzy się z groźnymi i niezależnymi ludami zamieszkującymi południowo-zachodnie krańce byłego Związku Sowieckiego; owo słynne pasmo górskie nadało nam nazwę „rasy kaukaskiej", z jakichś niejasnych przyczyn rozciągniętą na wszystkich Europejczyków. Gęsto utkany patchwork języków kaukaskich utwierdza przekonanie o starożytnej różnorodności. Otoczeni od północy mieszaniną języków indoeuropejskich i ałtajskich mieszkańcy Kaukazu przechowali dwie własne, unikatowe i starożytne rodziny językowe: północnokaukaską i kartwelską. Region ograniczony od wschodu i zachodu przez dwa morza śródlądowe z rozpiętymi między nimi górami Kaukazu pozostawia jedyny możliwy do przejścia korytarz między Armenią i Azerbejdżanem z leżącym poniżej Lewantem a Rosją europejską na północy (rysunek 3.4).

Czy męski chromosom pomoże w śledzeniu drugiej migracji do Europy? Aby wynagrodzić ograniczoną dokładność datowania za pomocą chromosomów Y, dzięki swej wewnątrzregionalnej specyfice objaśnia on znacznie więcej niż mtDNA. Godny uwagi jest enigmatyczny męski klan (rysunek 3.5), który będę nazywać Inos (nawiązując do syna Seta – Enosa). Inos jest niemal wyłącznie europejski. Według pracującej na uniwersytecie w Leicester

genetyczki Zoë Rosser i jej współpracowników stosunkowo gładki rozkład tego męskiego klanu wskazuje na wczesne dotarcie do Europy. Włoska genetyczka Ornella Semino i jej zespół ze Stanów Zjednoczonych są dokładniejsi, wskazując, że dominacja linii Inosa na Ukrainie i Bałkanach sugeruje powiązanie z żeńskim klanem HV i kulturą grawecką. Podobnie jak HV, Inos nie pochodzi wprost z Lewantu, więc transkaukaska trasa jest możliwa[150].

LUKA W ZASIEDLENIU BLISKIEGO WSCHODU?

Estońscy badacze sugerują, że obszar zamknięty z obu stron morzami: Czarnym i Kaspijskim oraz łańcuchem górskim Kaukazu w paleolicie stanowił genetyczny punkt wyjścia dla kilku ważnych linii macierzystych wczesnych Europejczyków – najważniejsza z nich to HV.

Zanim posuniemy się zbyt daleko w genetycznych spekulacjach, musimy powiedzieć jasno, jakie odkrycia archeologiczne informują nas o najwcześniejszym ludzkim bytowaniu w korytarzu kaukaskim. W ostatnim rozdziale zobaczymy, że przynajmniej w zachodniej Eurazji przybycie ludzi rozumnych wiązało się ze zmianą używanych przez neandertalczyków narzędzi mustierskich (środkowy paleolit) na górnopaleolityczne narzędzia przybyszów. W Lewancie najwcześniejsze ślady przejścia od wytwórczości mustierskiej do przejściowej górnopaleolitycznej odkryto na południu w rejonie obecnych pustyń Negew i Synajskiej, proces ten dokonał się mniej więcej między 45 000 a 47 000 lat temu (rysunek 3.1). Nastąpiła wtedy długa przerwa w zasiedleniu, trwająca około 10 000 lat, nim południe zostało ponownie zajęte przez ludzi wytwarzających narzędzia z wczesnego górnego paleolitu zaliczane do tak zwanego typu ahmariańskiego – przedstawicieli kultury, która trwała aż do czasu 20 000 lat temu. Ta przerwa zbiegła się z pogorszeniem klimatu związanym z dwoma szczytami zimna i suszy 45 000 i 40 000 lat temu[151].

W okresie między 34 000 i 40 000 lat temu świat był suchy i zimny i brakowało znaczących indyjskich monsunów. Długotrwałe ocieplenie, które rozpoczęło się 34 000 lat temu, spowodowało ponowne zaludnienie wysuszonych części Lewantu[152]. W tym czasie nastąpiło ponowne zasiedlenie słynnej jaskini na szczycie Żyznego Półksiężyca w północnych górach Zagros. Jaskinia Szanidar jest usadowiona u południowych wrót kaukaskiego korytarza.

Leży ona (rysunek 3.1) w pobliżu miejsca, gdzie zbiegają się obecne granice Turcji, Iranu i Iraku, w północnym Kurdystanie dokładnie na południe od Armenii. Pod koniec lat sześćdziesiątych XX wieku rozsławił ją Ralph Solecki, archeolog, który odkrył szczątki uznane za neandertalski pochówek z kwiatami. Neandertalczycy mieszkali tam od 50 000 do 46 000 lat temu. Później, po spowodowanej zmianą klimatu i trwającej 10 000 lat przerwie, zamieszkał tam inny gatunek ludzki. Przejściowa gospodarka górnego paleolitu, znana jako kultura baradosteńska, pojawiła się w jaskini szanidarskiej 35 500 lat temu i trwała aż do 28 700 lat temu. Jest to obecnie najlepszy dowód zamieszkiwania w tym czasie ludzi rozumnych u południowych wrót Kaukazu[153].

Również mniej więcej w tym czasie, około 36 400 lat temu, nastąpiła pierwsza w górnym paleolicie kolonizacja Rosji europejskiej, która wzdłuż Donu dotarła do wsi Kostionki, położonej na północ od Kaukazu[154]. Jej mieszkańcy wykonywali narzędzia z krzemienia przywożonego z odległości 150–300 kilometrów. Stanowisko Kostionki stało się później sławne za sprawą niezwykłej, skomplikowanej kultury mamuciej z okresu od 24 000 do 33 000 lat temu, ale pierwsi jego mieszkańcy nie mieli z nią jeszcze nic wspólnego.

Kilku archeologów, znawców Europy sprzed epoki lodowcowej, zauważa w europejskiej prehistorii paleolitycznej kilka wyraźnych wczesnych faz narastania osadnictwa wraz z poprawą klimatu. Pierwsza z nich, najwcześniejszy górny paleolit (od 33 000 do 45 000 lat temu), charakteryzowała się rozprzestrzenianiem się najwcześniejszej technologii oryniackiej, o czym już wcześniej mówiliśmy. Druga faza wczesnego górnego paleolitu (od 24 000

do 33 000 lat temu) zwiastuje nastanie szczytowych osiągnięć kultury górnego paleolitu. Kultury rozpoczynające się mniej więcej od 30 000 lat temu w tej fazie określamy zbiorowo mianem „graweckiego technokompleksu", choć różnorodność nazw lokalnych może dezorientować. Mimo że stanowiła ona trzecią, najwyższą fazę osadnictwa i nowej kultury w Europie, znawca paleolitu Clive Gamble umieszcza ważny próg kulturalny tej drugiej europejskiej epoki w północno-wschodniej Europie około 33 000 lat temu, na przykład w Kostionkach nad Donem, a nie w kulturze graweckiej, dalej na południowym zachodzie przed 30 000 lat[155].

Główne graweckie innowacje kulturalne to zaawansowane górnictwo surowców wysokiej jakości, sztuka jaskiniowa na wysokim poziomie, wyszukane pogrzeby, narzędzia z wielkich kości, użycie kości – zwłaszcza mamucich – w konstrukcji domów i bardzo wyspecjalizowana technika polowania na mamuty. Podsumowując, kultury wczesnego górnego paleolitu nie tylko pokazują coraz szybszy postęp europejskiej sztuki reprezentacyjnej, użycie egzotycznych materiałów i praktyki grzebalne, lecz także wkroczenie ludzi przynoszących zarzewie takich praktyk z Europy Wschodniej. Ta inwazja kultury i ludzi nie zatrzymała się w Europie Wschodniej, osiągając najwyższy poziom wyrazu artystycznego na południu Francji i w północnej Hiszpanii[156].

Czy można pogodzić uzyskaną z linii HV informację genetyczną o ekspansji ludzi rozumnych do północnej i zachodniej Europy z przybyciem w okresie wczesnego górnego paleolitu około 33 000 lat temu? Mówiąc krótko, tak: mamy we właściwym czasie wyraźny, pojedynczy, żeński sygnał genetyczny oraz jego oczywistą trasę; istnieje także jego męski odpowiednik. Klan HV może więc reprezentować najwcześniejsze przejście ludzi rozumnych do Europy Północnej przez Zakaukazie.

Dokąd następnie wyruszył? Prawdopodobnie wszędzie. Jak widzieliśmy, HV jest w Europie najpowszechniejszym klanem, ale potomkinie tej żeńskiej linii nadal powszechniej występują w Europie Północnej i Południowo-Zachodniej niż na wybrzeżu śródziemnomorskim. HV miała znacznie później córkę – europejski

klan V – u podnóża Pirenejów, ale ostatnie badania ukazują starszy typ pre-V na Zakaukaziu, w północnych Bałkanach, południowej Hiszpanii i w Maroku, co sugeruje wcześniejsze przejście na zachód przez Europę z Ukrainy[157] (rysunek 3.4).

CZY PRZODKOWIE LUDZI Z WCZESNEGO GÓRNEGO PALEOLITU NADESZLI Z DALSZEGO WSCHODU?

Istnieje możliwość, ale tylko możliwość, że ojczyzną żeńskiej linii HV przed jej przybyciem do Europy mogło być nie Zakaukazie, lecz leżące dalej na wschód stepy Azji Środkowej. W tym scenariuszu do regionu północnego Kaukazu docierałaby raczej migracja z Azji Środkowej, wschodniego wybrzeża Morza Kaspijskiego, a nie z leżącej na południu Armenii. W zasadzie oznacza to północne przejście do Rosji raczej trasą na wschód od Morza Kaspijskiego niż na zachód od niego.

Wiele wskazówek uzyskano dzięki grupie doskonale zachowanych mumii mieszkańców Kaukazu znalezionych w Urumczi w chińskim Turkiestanie sprzed mniej więcej 3000 lat i innych odkrywanych w Azji Środkowej wzdłuż Jedwabnego Szlaku. Niezależnie, czy dowodzi to neolitycznego rozprzestrzeniania się na wschód szczepów mówiących językami indoeuropejskimi, czy byli to przedstawiciele starszej lokalnej populacji, pozostaje dowodem zamieszkiwania ludzi rozumnych w Azji Środkowej wcześniej niż 40 000 lat temu. Wczesną technologię górnego paleolitu odnaleziono w dwóch miejscach rosyjskiego Ałtaju, co oznacza jej rozprzestrzenianie się w stronę południowo-wschodniej Syberii przed 39 000 lat. Osiedlenie się ludzi rozumnych w Azji Środkowej nastąpiło zatem wystarczająco wcześnie, by stworzyć bazę do inwazji na Europę przez Rosję[158].

Trzecim rodem genetycznym wywodzącym się z dzisiejszej Azji Środkowej są zachodnioeuropejskie linie żeńskie Nasreen. Połowa z nich to rody HV. Powszechnym wyjaśnieniem tej „Europy w Azji" jest niedawna emigracja Europejczyków na wschód wzdłuż Jedwabnego Szlaku. Kontrargumentem jest fakt, że V –

najpowszechniejsza europejska córka HV – która, jak się spodziewamy, powinna dołączyć do takiej wędrówki, nie występuje w Azji Środkowej. Ponadto wygląda na to, że większość zachodnioeuropejskich linii Nasreen w Azji Środkowej przyszła raczej z Indii niż z Europy. Innymi słowy, HV mogła pochodzić z Azji Południowej i przywędrować na wschód od Morza Kaspijskiego, a potem przejść inną drogą na zachód do Europy (rysunek 3.4). Ten punkt widzenia alternatywnej trasy wschód–zachód południowoazjatyckich klanów wkraczających do Europy przez Azję Środkową wspierają dane uzyskane z badań chromosomu Y[159].

AZJACI W EUROPIE

Chromosom Y, twór znacznie większy, powinien kryć w sobie więcej sekretów z przeszłości niż nici mitochondrialnego DNA, drobny ślad starożytnego bakteryjnego najeźdźcy. Jednakże genetycy dopiero rozpoczynają ich odkrywanie i muszą jeszcze opanować triki genetycznego zegara Adama. Datowanie gałęzi zmienia się radykalnie pomiędzy poszczególnymi grupami badawczymi i generalnie wszystkie daty wskazują wiek od dwóch do pięciu razy mniejszy od równoważnych dat z drzewa mtDNA. Innymi słowy, mamy dobry ślad Y, ale badacze często zaniżają jego wiek. Na szczęście staranna analiza linii założycielskich i datowania mtDNA przeprowadzona przez Martina Richardsa i jego kolegów oraz innych, na przykład Toomasa Kivisilda, umożliwia konstruowanie genetycznie datowanych tras, do których pasuje ślad Y. Teraz na chwilę posłużymy się drzewem Y, aby przyjrzeć się dokładniej geograficznym trasom rozprzestrzeniania[160].

Po niezwykłym osiągnięciu Petera Underhilla, genetyka z Uniwersytetu Stanforda, który pod koniec 2000 roku zbudował światowe drzewo ze 150 znaczników Y, szybko doczekaliśmy się dokładniejszego spojrzenia na Europę dzięki badaniom Ornelli Semino i jej współpracowników z grupy Underhilla[161]. Pokazało ono

jeszcze dokładniej niż historia mtDNA, że Europa musiała zostać skolonizowana kilkoma trasami.

Zobaczyliśmy, jak, równolegle z córkami Europy, Jahangir, wnuk wywodzącej się od Seta linii założycielskiej wyjścia z Azji, mógł przez Żyzny Półksiężyc dotrzeć z Zatoki Perskiej do Europy, przecierając szlak z południa przez Turcję do Europy. Czy oprócz Inosa zdołamy dostrzec inne męskie linie równoległe do HV, która wyszła z Kaukazu lub nawet z dalszej wschodniej Rosji, by przez Ukrainę dotrzeć do Europy Zachodniej? Odpowiedź jest pozytywna, a ślady znacznie wyraźniejsze. Wspomniałem już o Inosie jako o typie, który na północnym Kaukazie mógł być odbiciem HV. Do wejścia do Europy od wschodu kandydują trzy następne linie genetyczne, przyprawiające genetyków o ból głowy swoim rozkładem, wiekiem i pochodzeniem. Podobnie jak Inos (i Jahangir) pochodzą ostatecznie od Seta, trzeciego syna Adama, który opuścił Afrykę. Dwie z tych linii najwyraźniej wywodzą się ze wschodu, prawdopodobnie z Azji Środkowej, ale kiedy ostatecznie dotarły do celu i skąd ostatecznie pochodzą? Obie wywodzą się od ‘K, najpłodniejszego z pięciu genetycznych synów Seta, którego nazwę Kryszną na cześć indyjskiego boga o tym imieniu[162] (rysunki 3.4 i 3.5).

Jedna z tych dwóch wschodnich linii genetycznych jest nazywana TAT, z powodu sygnatury mutacji oraz przez niezwykłą zbieżność z imieniem genetyczki z uniwersytetu w Oksfordzie Tatiany Zergal. W Europie jej zasięg ogranicza się do wschodniego skraju, gdzie najpowszechniej występuje wśród bałtyckich Finów i Rosjan. Najprawdopodobniej pochodzi z Azji Środkowej, chociaż genetyczny ojciec i dziadek wywodzą się ostatecznie z Kaszmiru i Azji Południowej. Z niewielką częstotliwością pojawia się również na Dalekim Wschodzie. Ponieważ mamy do czynienia z chromosomami Y, datowanie jest niejasne, ale bardzo lokalny rozkład linii (głównie wśród ludów mówiących językami uralskimi) oraz niewielkie zróżnicowanie w Europie sugerują migrację z Azji Środkowej[163].

Kolejnego europejskiego intruza z linii Kryszny określa mutacja M17. Najwyższą, sięgającą 60% częstotliwość M17 odnotowujemy wśród Węgrów. Linia M17 dominuje w Europie Wschodniej, choć

rozprzestrzenia się na wszystkie części Europy Zachodniej i Południowej oraz Lewantu, gdzie występuje z niewielką częstością. Jej rzadkie występowanie w Lewancie podważa uznanie tego regionu za drogę do Europy. Lluis Quintana-Murci, Peter Underhill i ich współpracownicy uważają Azję Środkową, a zwłaszcza Ałtaj, za najbardziej prawdopodobne źródło linii M17. Dla Underhilla i jego współpracowników to konieczny argument, gdyż twierdzą, że cały klan Seta przybył oddzielnie z Afryki Północnej do Lewantu, a dalej wprost do Azji Środkowej[164] (rysunek 1.3).

Dla mnie i Toomasa Kivisilda Azja Południowa jest logicznym i ostatecznym miejscem pochodzenia M17 i jego przodków: na pewno największą liczbę i różnorodność linii M17 mamy w Pakistanie, w Indiach i w Iranie, a tylko niewiele obserwuje się ich na Kaukazie. Linia M17 jest nie tylko bardziej rozproszona w Azji Południowej, lecz także charakteryzuje ją tam różnorodność w odizolowanych grupach plemiennych na południu, co podważa każdą teorię o M17 jako znaczniku „męskiej aryjskiej inwazji" w Indiach. Wiek narodzin tej linii w Indiach szacujemy na 51 000 lat. Wszystko to sugeruje, że M17 mógł na początku wyruszyć z Indii do Pakistanu przez Kaszmir, potem przez Azję Środkową i Rosję, nim ostatecznie trafił do Europy. Te i podobne obserwacje innych linii Seta w Azji Południowej przyczyniły się do sformułowania ważnej części mojego kontrargumentu przeciwnego poglądowi, że Set dotarł do Azji Środkowej raczej z Afryki Północnej i Lewantu niż przez preferowaną przeze mnie pojedynczą trasę południowego wyjścia z Afryki[165].

O ile pochodzenie europejskiej linii M17 ze wschodu Europy i Ałtaju lub nawet dalsze zdaje się jasne, o tyle datowanie tej wschodnio-zachodniej migracji już tak oczywiste nie jest. Semino i współpracownicy niezależnie od datowania genetycznego uznają M17 i jego ojca M173 za część archeologicznie datowanego paleolitycznego przejścia ze wschodu na zachód 30 000 lat temu. Prowadzi nas to do M173, innego poważnego kandydata na męską, azjatycką linię w Europie. M173 należy do rozległego klanu, który

będę nazywał Rusłanem na pamiątkę rosyjskiego bohatera ludowego[166].

RUSŁAN: AZJATYCKI PRZODEK POŁOWY MĘŻCZYZN W EUROPIE

Rozprzestrzeniony w całym Starym Świecie od Anglii po Azję Południową i Środkową, Syberię i dalej – aż po Australię i Amerykę – klan Rusłana dużo podróżował, a jego podstawowym typem jest – jak twierdzi jeden z badaczy – najpowszechniejszy pojedynczy typ Y. Jednakże P, genetyczny ojciec Rusłana, którego będę nazywał Polo na pamiątkę rodziny eksploratorów Jedwabnego Szlaku, nie występuje poza Indiami, Pakistanem, Azją Środkową i Ameryką. Studiowanie genetycznego rozproszenia i różnorodności genetycznych gałęzi i gałązek ponownie sugeruje, że Rusłan wraz ze swym synem M17 wyrośli dawno temu w Azji Południowej gdzieś w pobliżu Indii i sukcesywnie rozprzestrzenili się nie tylko na południowy wschód do Australii, lecz także na północ, wprost do Azji Środkowej, przed rozszczepieniem tras na wschodnią i zachodnią do Europy i Azji Wschodniej (zob. rozdziały 5 i 6) [167].

W przeciwieństwie do swego syna M17 Rusłan nie przyczaił się na progu Europy Wschodniej. Faktycznie typ ten jest o wiele powszechniejszy na Zachodzie, osiągając 86% wśród Basków i podobnie wysoki procent na Wyspach Brytyjskich. To odmienne rozproszenie typu ojca i syna sugeruje, że ten pierwszy mógł przybyć do Europy o wiele wcześniej. Jak zobaczymy w rozdziale 6, zagadkę może wyjaśnić wystąpienie epoki lodowcowej. Wystarczy powiedzieć, że choć M17 może być w Europie stosunkowo nowym przybyszem, jego ojciec Rusłan reprezentuje prawdopodobnie najsilniej zaznaczoną linię z oryginalnej inwazji na Europę Zachodnią ze wschodu we wczesnym górnym paleolicie około 33 000 lat temu. Ta rodzicielsko-synowska drużyna podzieliła się między sobą 50% męskich linii, jakie przetrwały w Europie[168].

AZJATYCKIE KORZENIE EUROPY

Ta podróż przez czas genetyczny i ludzki zmusza do wyciągnięcia dwóch niezwykłych wniosków; po pierwsze, że genetyczna ojczyzna Europejczyków przed 50 000 lat leżała w Azji Południowej, w Pakistanie/rejonie Zatoki Perskiej, a po drugie, że przodkowie Europejczyków przybyli przynajmniej dwiema znacznie oddalonymi od siebie drogami, które ostatecznie doprowadziły ich do tego samego zimnego, acz bogatego ogrodu. Najwcześniejsza z tych tras wiodła przez Żyzny Półksiężyc, który 51 000 lat temu otworzył korytarz z Zatoki Perskiej, pozwalając na przejście przez Turcję i ostatecznie przez Bułgarię i Europę Południową. Wydaje się, że zbiegło się to z przybyciem kultury oryniackiej do Europy. Druga wczesna trasa z Azji Południowej do Europy mogła prowadzić wzdłuż Indusu do Kaszmiru i Azji Środkowej, gdzie być może ponad 40 000 lat temu myśliwi po raz pierwszy zaczęli przynosić zwierzynę tak wielką jak mamuty. Niektórzy z tych myśliwych dzięki swym umiejętnościom mogli przejść na zachód przez Ural do europejskiej części Rosji, Republiki Czeskiej i Niemiec. Według bardziej konserwatywnego spojrzenia na tę inwazję ze wschodu ludzie rozumni dotarli do Rosji raczej przez Zakaukazie niż Azję Środkową.

132 Zob. tabela 6.5: *Earliest Upper Palaeolithic/Earliest Aurignacian* w: Gamble C., *The Palaeolithic Societies of Europe*, Cambridge University Press 1999; zob. też Davies W., *A very model of a modern human industry: New perspectives on the origins and spread of the Aurignacian in Europe*, „Proceedings of the Prehistoric Society" 2001, nr 67, s. 195–217.

133 Nieskorygowana data radiowęglowa, 46 000 ± 8000 lat. Najwcześniejsze artefakty oryniackie zostały znalezione w Temnata w Bułgarii, na południe od Dunaju, na zachód od Morza Czarnego. Poza Europą nie ma wcześniejszych narzędzi oryniackich. Zob. tabela 6.1 w: Gamble C., op. cit. Kolejne daty: 44 300 ± 1900 lat (ibid.), dla Willendorfu w Austrii: 41 700 ± 3700 lat (ibid.), dla Geissenklösterle, Niemcy: do 36 500 ± 1500 lat (ibid.), z Austrii do północnych Włoch: w Riparo Fumane 40 000 + 400 lat temu (ibid.), przez El Castillo w północnej Hiszpanii: 40 000 ± 2100 lat temu (ibid.); dla Gato Preto: 38 000 ± 2100 lat temu (ibid.); zob. także Davies W., op. cit.

134 Późna kultura oryniacka: od 25 000 do 33 000 lat temu (Gamble C., op. cit., s. 287). Główny trzon kultury oryniackiej został opisany jako *core typological region* w: Otte M., *The Aurignacian in Asia* (w druku), cytowane m.in. w: Olszewski D.I., Dibble H.L., *The Zagros Aurignacian*, „Current Anthropology" 1994, nr 35 (1), s. 68–75. Tak zwana przejściowa gospodarka górnego paleolitu została również odkryta i datowana na 500–5000 lat przed znaleziskami z Temnata (tzn. 47 200 i 9000 lat temu, zob. Gamble C., op. cit.) na Bliskim Wschodzie w wykopaliskach Boker Tatchit na pustyni Negew.

135 Niektórzy genetycy nadal potępiają stosowanie filogeografii i zegara genetycznego.

136 Richards M. et al., *Tracing European founder lineages in the Near Eastern mtDNA pool*, „American Journal of Human Genetics" 2000, nr 67, s. 1251–1276.

137 J, T, U5 i i na rysunku: oraz w Richards M. et al., op. cit. Najwcześniejsze daty górnego paleolitu, np. z pustyni Negew 47 100 lat temu – zob. wyżej.

138 Datę 54 400 lat temu (z 95-procentowym zakresem wiarygodności w zakresie od 50 400 do 58 300 lat temu) dla linii J, T, U5 oraz I podaje Richards M. et al., op. cit. Datowania dla Europy dla U5 również wynoszą 50 000 lat (95-procentowy zakres wiarygodności od 45 100 do 52 800 lat temu), ibid. Pojęcie „95-procentowy zakres wiarygodności" jest analogiczne do 95-procentowego „przedziału ufności", lecz ma inne podstawy matematyczne). Rozbieżność od 4000 do 7000 lat, można by łatwo odrzucić, zrzucając winę na wciąż szeroki margines błędu zegara molekularnego. Inna, bardziej określona przyczyna dotyczy datowania archeologicznego. Niemal wszystkie datowania stanowisk wykopaliskowych z górnego paleolitu zostały dokonane metodą radiowęglową, której precyzja i dokładność spada znacząco dla obiektów starszych niż 40 000 lat. W tak starych obiektach pozostaje już niewiele węgla radioaktywnego, który może ulegać rozpadowi, dlatego daty radiowęglowe dają systematyczne niedoszacowanie wieku; ponadto rośnie ono znacznie wraz ze wzrostem wieku obiektów. Używając innych metod do datowania tych samych wykopalisk, archeolodzy pokazali, że niedoszacowanie radiowęglowe wynosi 2000–3500 lat dla dat między 20 000 a 40 000 lat temu i aż 5600 lat dla dat od 38 000 i 40 000 lat temu. Powyżej 40 000 lat błąd systematyczny wyraźnie wzrasta. Wobec takiego niedoszacowania dat archeologicznych daty genetyczne (których nie dotyczy taki problem) dla kolonizacji ludzi rozumnych w Lewancie i w Europie zaczynają wyglądać całkiem rozsądnie. Zob. także Gamble C., op. cit., s. 273.

139 Richards M., Macaulay V., *Genetic data and the colonization of Europe: Genealogies and founders*, w: C. Renfrew, K. Boyle (red.), *Archaeogenetics: DNA and the Population Prehistory of Europe*, McDonald Institute for Archaeological Research, Cambridge 2000, s. 139–141. Warto zauważyć, że słowo „pokolenie"

nie jest tu używane w znaczeniu dosłownym. Każde „pokolenie" linii genetycznej reprezentuje jedną lub więcej nowych mutacji i może obejmować okres ponad 10 000 lat. Na temat daty około 55 000 lat temu zob. Kivisild T. et al., *The place of the Indian mitochondrial DNA variants in the global network of maternal lineages and the peopling of the Old World*, w: S.S. Papiha et al. (red.), *Genomic Diversity: Applications in Human Population Genetics*, Kluwer Academic/Plenum, New York 1999, s. 135–152. Oszacowamie w tej publikacji bazuje na niedokładnie opracowanym drzewie R w Indiach i starszy wiek R jest prawdopodobnie bliższy 70 000 lat. Jedno oszacowanie sięga prawie 73 000 lat w nowszej pracy: Kivisild T. et al., *The genetic heritage of the earliest settlers persists both in Indian tribal and caste populations*, „American Journal of Human Genetics" 2003, nr 72, s. 313–333, zwłaszcza s. 322. Odnośnie do wieku dwóch azjatyckich podgrup Rohani, np. R9 (81 400 lat) i B (74 600 lat) – Yong-GangYao et al., *Phylogeographic differentiation of mitochondrial DNA in Han Chinese*, „American Journal of Human Genetics" 2002, nr 70, s. 635–651.

140 Rando J.C. et al., *Mitochondrial DNA analysis of northwest African populations reveals genetic exchanges with European, near-Eastern, and sub-Saharan populations*, „Annals of Human Genetics" 1998, nr 62, s. 531–550. U6 jest obecna wśród Beduinów w arabskiej Syrii w niskich proporcjach 4–7%, co jest zgodne z trasą U6 do Afryki Północnej przez Lewant: dane z Richards M. et al., op. cit., dalsze informacje w: Richards M. et al., *Extensive female-mediated gene flow from sub-Saharan Africa into Near Eastern Arab populations*, „American Journal of Human Genetics" 2003, nr 72, s. 1058–1064. Narzędzia wczesnego górnego paleolitu (ostrza i rylce) omawiają: Close A.E., Wendorf F., *North Africa at 18,000 BP*, w: C. Gamble i O. Soffer (red.), *The World at 18,000 BP*, Unwin Hyman, London 1989, s. 47. Inne dowody wczesnej obecności ludzi rozumnych w Afryce Północnej (szczątki dziecka ze wzgórza Taramsa nad Nilem, datowane metodą optycznie stymulowanej luminescencji na 50 000–80 000 lat, w tym przypadku w powiązaniu z technologią średniego paleolitu): Vermeersch P.M. et al., *Middle Palaeolithic burial of a modern human at Taramsa Hill, Egypt*, „Antiquity" 1998, nr 72, s. 475–484.

141 Bamshad M. et al., *Genetic evidence on the origins of Indian caste populations*, „Genome Research" 2001, nr 11, s. 994–1004.

142 Poza R, U2 i U7 oraz inne grupy N i podgrupy mogą rościć pretensję do starożytnego pochodzenia z Azji Południowej, a szczególnie W. Grupy H, O, X, I, J są również znajdowane w Indiach. Kivisild T. et al., *The place of the Indian...*, op. cit., s. 137–150.

143 Kolorową mapę pokazującą efekt cykli zlodowaceń w korytarzu Żyznego Półksiężyca można znaleźć na stronie internetowej Jonathana Adamsa: http://www.esd.ornl.gov/projects/qen/nercEURASIA.html. Interstadia (ciepłe

i wilgotne okresy) numerowane od 17 do 14 i datowane jak w: Dansgaard W. et al., *Evidence for general instability of past climate from a 250-kyr ice-core record*, „Nature" 1993, nr 364, s. 218–220; zob. także Schultz H. et al., *Correlation between Arabian Sea and Greenland climate oscillations of the past 110,000 years*, „Nature" 1998, nr 393, s. 54–57. Ostatnie z nich, 51 000 lat temu, oznaczone jako 14 w: Dansgaard W. et al., op. cit.; zob. też Schultz H. et al., op. cit. O wilgotniejszym indyjskim monsunie pisze Schultz H. et al., op. cit., zwłaszcza rys. 2, s. 55. Czasy zegarów: klimatycznego i archeologicznego, zbiegają się z korektą dat radioizotopowych – zob. przypis 7 powyżej. Najwcześniejsze linie-córki Nasreen i U/europejskie pochodne R(Rohani)/: U – gałąź europejska i podgałęzie U5, U7 (Richards M.et al. (2000), op. cit.).

144 Afrykańska gałąź obejmująca wszystkich nie-Afrykanów jest ukryta w jednym dwuallelicznym znaczniku, czyli M168. Underhill R.A. et al., *Y chromosome sequence variation and the history of human populations*, „Nature Genetics" 2000, nr 26, s. 358–361. Na razie nie udało się znaleźć tego znacznika „Adama" ani w Afryce, ani poza nią. Trzem głównym gałęziom C, D/E (lub YAP) i F, będącym przodkami wszystkich nie-Afrykanów, nadałem dla prostoty imiona odpowiednio Kain, Abel i Set. Litery C–F odnoszą się do nowej nomenklatury – zob. The Y Chromosome Consortium, *A nomenclature system for the tree of human Y-chromosomal binary haplogroups*, „Genome Research" 2002, nr 12, s. 339–348.

145 Zgodnie z ustaloną nomenklaturą linia haplogrupy J (Jahangir) jest definiowana przez M89, p12f2 i M172 (haplotypy 54–64 w: Underhill R.A. et al., op. cit.) i jest równoważna linii Eur9 w: Semino O. et al., *The genetic legacy of Paleolithic Homo sapiens sapiens in extant Europeans: A Y-chromosome perspective*, „Science" 2000, nr 290, s. 1155–1159, co odpowiada haplogrupie 9 według nomenklatury Tylera-Smitha i Joblinga (zob. Rosser H.Z. et al., *Y-chromosomal diversity in Europe is clinal and influenced primarily by geography, rather than by language*, „American Journal of Human Genetics" 2000, nr 67, s. 1526–1543). Wysoka częstotliwość tej linii na Bliskim Wschodzie wynosi: 57% w Syrii, 51% wśród Palestyńczyków, 28–45% wśród Żydów i 46% wśród Libańczyków (Hammer M. et al., *Jewish and Middle Eastern non-Jewish populations share a common pool of Y-chromosome biallelic haplotypes*, „Proceedings of the National Academy of Sciences USA" 2000, nr 97, s. 6769–6774) i 33% wśród Gruzinów (Semino O. et al., op. cit.). O najwyższej europejskiej częstotliwości w Turcji zob. ibid., dalej na Bałkanach i we Włoszech: ibid.; Rosser H.Z. et al., op. cit., o wysokiej w krajach afrykańskich: ibid.

146 O częstotliwości dla linii M172 (J/Jahangir) mniejszej niż 20% pisze Quintana-Murci L. et al., *Y-chromosome lineages trace diffusion of people and languages in Southwestern Asia*, „American Journal of Human Genetics" 2001, nr 68, s. 537–542; zob. także Underhill R.A. et al., op. cit.; Kivisild T., *Genetics of the language*

and farming spread in India, w: P. Bellwood, C. Renfrew (red.), *Examining the Farming/Language Dispersal Hypothesis*, McDonald Institute for Archaeology, Cambridge 2003, s. 215–222.

147 O różnorodności linii Jahangira zob. Quintana-Murci L. et al., op. cit. Największe problemy są z datowaniem klanu M172 (J/Jahangir). Hammer z kolegami przyjął datę 15 000–20 000 lat dla ekspansji europejskiej, chociaż oryginalna mutacja mogła wystąpić znacznie wcześniej (Hammer M. et al., op. cit.). Bezpośredniego jej poprzednika M172 ($DYS188_{792}$) datował na 60 000 lat. Jednakże nadal istnieją poważne problemy z datowaniem chromosomu T. Kivisild (2003b), op. cit. porównuje różne metody datowania, pokazując oszacowania współistniejące dla M172 od 54 700 lat w Iranie do 62 300 lat w Indiach, podobnie do poprzednich wartości Hammera. Inaczej Quintana-Murci, który stosując „częstotliwość rodowodową" (*pedigree rate*) do oszacowania czasu, sugeruje neolityczną ekspansję rolniczą, ale pochodzenie tego klanu wyraźnie przesuwa o wiele dalej w czasie i przestrzeni. Populacje z największym udziałem M172, Kurdowie, od dawna zamieszkujący górzystą część Żyznego Półksiężyca, aż do ostatnich czasów byli wędrującymi hodowcami stad owiec i kóz jedynie marginalnie zajmującymi się rolnictwem. Potomkowie M172 rozprzestrzenili się do Azji Wschodniej i Środkowej (zob. rozdziały 4 i 5).

148 Zob. tabela 2 w: Kivisild T. et al. (1999), op. cit. Na temat datowania ekspansji na 35 000 lat temu zob. Richards M. et al. (2000), op. cit.

149 Metspalu E. et al., *The Trans-Caucasus and the expansion of the Caucasoid-specific mitochondrial DNA*, w: S.S. Papiha et al. (red.), *Genomic Diversity: Applications in Human Population Genetics*, Kluwer Academic/Plenum Publishers, New York 1999, s. 121–134.

150 Konsensusowy klan haplogrupy I (Inos) jest jednoznacznie identyfikowany na podstawie dwuallelicznego znacznika M170 (haplotypy 49–53) w: Underbill R.A. et al., op. cit., jest równoznaczny z grupami Eur7 i 8 w: Semino O. et al., op. cit., i szeroko przekrywa się z haplogrupą 2 Tylera-Smitha (Rosser H.Z. et al., op. cit.). Wszelkie wyjaśnienia nomenklatury I (Inos) zob. The Y Chromosome Consortium, op. cit.

151 Data od 46 000 do 47 000 lat temu za: Bar-Yosef O., *The contributions of Southwest Asia to the study of the origins of modern humans*, w: M.H. Nitecki, D.V. Nitecki (red.), *Origins of Modern Humans*, Plenum Press, New York 1994, rozdział 2. Są to daty radiowęglowe i – jak stwierdził Bar-Yosef – jeżeli korekcja jest możliwa, powinny być znacznie starsze (np. aż 51 000 lat temu – zob. komentarze na temat marginesu dla datowania radiowęglowego, przypis 7 powyżej). Kamienna budowla Ksar 'Aqil w południowym Libanie również była przypuszczalnym miejscem poświadczającym najwcześniejsze przejście

od technologii mustierskiej do lewantyńsko-oryniackiej, prawdopodobnie (niestety, data zmiany kultury może jedynie być dedukowana stratygraficznie) między 50 000 i 52 000 lat temu, zob. Mellars P., Tixier J., *Radiocarbon-accelerator dating of Ksar 'Aqil (Lebanon) and the chronology of the Upper Palaeolithic sequence in the Middle East*, „Antiquity" 1989, nr 63, s. 761–768. Pogorszenie klimatu nastąpiło w okresie podzielonym na dwa ciepłe i wilgotne interstadia z poprzedzającymi je krótkimi okresami zimna i suszy (numerowanie i datowanie interstadiów według Dansgaard W. et al., op. cit.). Zob. także Schultz H. et al., op. cit.

152 Czas stopniowego narastania zimna rozciągał się na dwa interstadia: 43 500 lat temu i 34 000 lat temu; w drugim z nich pojawiały się sygnały ponownego ocieplenia (za: Dansgaard W. et al., op. cit.). Zob. także Schultz H. et al., op. cit.

153 Szczegóły pochówku Shanidar i kultury baradosteńskiej zob. Solecki R., *Shanidar:-The Humanity of Neanderthal Man*, Allen Lane, London 1972.

154 Tabela 6.1 w: Gamble C., op. cit.

155 Datowanie najwcześniejszego górnego paleolitu (33 000–45 000 lat temu) za: tabela 6.5 w: Gamble C., op. cit. Szczytowe zasiedlenie dla tej fazy nastąpiło między 40 000 i 44 000 lat temu (kalibrowane daty ^{14}C, ibid., s. 285). Początek kultury od około 30 000 lat temu wyznaczono na podstawie tabeli 6.5, ibid. Grawecki technokompleks odpowiada trzeciemu szczytowi zasiedlenia (lub środkowemu paleolitowi) od 25 000 do 29 000 lat temu (daty niekalibrowane, rys. 6.5, ibid.).

156 Gamble C., op. cit., s. 287–292, zwłaszcza s. 290; Soffer O., *Upper Paleolithic adaptations in Central and Eastern Europe and man-mammoth interactions*, w: O. Soffer, N. Praslov (red.), *From Kostenki to Clovis: Upper Paleolithic-Paleo-Indian Adaptations*, Plenum, New York 1993, s. 31–49; Otte M., *The history of European populations as seen by archaeology*, w: C. Renfrew, K. Boyle (red.), *Archaeogenetics: DNA and the Population Prehistory of Europe*, MacDonald Institute for Archaeological Research, Cambridge 2000, s. 139–141.

157 Torroni A. et al., *A signal, from human mtDNA, of postglacial recolonization in Europe*, „American Journal of Human Genetics" 2001, nr 69, s. 844–852.

158 Informację dotyczącą liczących 3000 lat mumii kaukaskich na Jedwabnym Szlaku podano tylko dla podkreślenia, że nie ma żadnej przyczyny *a priori*, aby zakładać, że pierwsze populacje w tej części Azji Środkowej były mongoloidalne: Barber E.W., *The Mummies of Urumchi*, Pan, London 2000; Mallory J.P., Mair V., *The Tarim Mummies: Ancient China and the Mystery of the Earliest Peoples from the West*, Thames & Hudson, London 2000; Otte M., Derevianko A., *The*

Aurignacian in Altai, „Antiquity" 2001, nr 75, s. 44–48; Goebel T. et al., *Dating the Middle-to- Upper-Palaeolithic transition at Kara Bom*, „Current Anthropology" 1993, nr 34, s. 452–458; Goebel T., Aksenov M., *Accelerator radiocarbon dating of the intial Upper Palaeolithic in Southeast Siberia*, „Antiquity" 1995, nr 69, s. 349–357.

159 Metspalu E. et al., op. cit.; Kivisild T. et al., op. cit.; Comas D. et al., *Trading genes along the Silk Road; mitochondrial DNA sequences and the origin of Central Asian populations*, „Molecular Biology and Evolution" 1998, nr 13, s. 1067–1077. Chociaż istnieją dopasowania dla wielu europejskich założycieli H, większość zachodnioeuropejskich linii Nasreen w Azji Środkowej przyszła raczej z Indii niż z Europy: haplogrupy U, J, i T – U2i, U7, U5a, 1a, U4, U1 i K; zob. rys. 2 w: Metspalu E., et al., op. cit.; Kivisild T. et al., op. cit.

160 Np. Kivisild T., op. cit.; Forster P. et al., *A short tandem repeat-based phylogeny for the human Y chromosome*, „American Journal of Human Genetics" 2000, nr 67, s. 182–196; Richards M. et al., op. cit.; Metspalu E. et al., op. cit.; Kivisild T. et al., op. cit.

161 Underhill P.A. et al., op. cit.; Semino O. et al., op. cit.

162 Podstawowy haplotyp 87 zdefiniowany przez M9 w: Underhill P.A. et al., op. cit. Ten klad został ponownie sklasyfikowany jako K/Kryszna (gdy M89 to F/Set): zob. The Y Chromosome Consortium, op. cit.

163 Zergal T. et al., *Genetic relationships of Asians and Northern Europeans, revealed by Y-chromosomal DNA analysis*, „American Journal of Human Genetics" 1997, nr 60, s. 1174–1183. Odpowiednio haplotypy 87 i 71, podane jako M9 i M89 w: Underhill P.A. et al., op. cit. Na temat migracji z Azji Środkowej, prawdopodobnie jedynie od ostatniego zlodowacenia, zob. Rosser H.Z. et al., op. cit.; Semino O. et al., op. cit.

164 Niedaleko za Węgrami pod względem częstotliwości plasują się: Polska, Ukraina i Rosja, odpowiednio z wartościami: 56, 54 i 47% (Semino O. et al., op. cit.; Rosser H.Z. et al., op. cit.); Ałtaj: 52% (Quintana-Murci L. et al., op. cit.; Underhill P.A. et al., op. cit.).

165 Kivisild T. et al., op. cit. Dane na temat najwyższej częstotliwości i różnorodności linii M17 w Pakistanie, Indiach, wschodnim Iranie oraz rzadkiego występowania na Kaukazie: odpowiednio 32, 20, 31 i 2%, za: Quintana-Murci L. et al., op. cit.; Rosser H.Z. et al., op. cit. Dane na temat pokrewnej różnorodności linii M17 (R1a), pokazujące największą różnorodność w Azji Południowej, zwłaszcza w Iranie, zob. tabela 5 w: Kivisild T. et al., op. cit. Dane zmierzone dla 51 200 lat za: Kivisild T., op. cit.; użycie innych metod obliczeniowych daje znacznie niższe oszacowania.

166 Semino O. et al., op. cit. Analiza filogenetyczna daje dla M17 realistyczny wiek 27 000 lat w Europie, zob. Kivisild T., op. cit. Natomiast Quintana-Murci et al. (op. cit.) wstępnie ocenia, że ekspansja do Europy rozpoczęła się zaledwie około 5000 lat temu tuż przed rozpoczęciem uprawy ziemi. M173 stanowi typ bazowy dla Rusłana, tzn. haplotyp 104, za: Underhill P.A., et al., op. cit., klasyfikowany jako R w: The Y Chromosome Consortium, op. cit.

167 M173/ht 104, w: Underhill P.A., et al., op. cit. Genetyczny ojciec Rusłana, P: haplotyp 111 w: ibid.; zreklasyfikowany jako P w: The Y Chromosome Consortium, op. cit.

168 Semino O. et al., op. cit. Należy odnotować, że zbieżne oszacowanie M17, M173 i M172 w M89 (haplotyp 71 wg Underhilla) w Indiach może dać aż 88 300 lat – oszacowanie przez analizę filogenetyczną, zob. Kivisild T., op. cit.

Rozdział 4

Pierwsze kroki w Azji, pierwszy skok do Australii

W rozdziale 1 dowiedzieliśmy się, że pojedyncza linia genetyczna L3 opuściła Afrykę, a jej dwie córki Manju i Nasreen wspólnie zaludniły resztę świata. Ta pojedyncza linia jest centralnym punktem tezy o pojedynczym południowym wyjściu z Afryki. W rozdziale 3 przekonaliśmy się, że fakt, iż Europejczycy pochodzą wyłącznie z klanu Nasreen, umiejscawia początek ich gałęzi tuż przy początku szlaku wędrówki zaraz po wyjściu z Afryki, prawdopodobnie w pobliżu Zatoki Perskiej. Nieobecność podstawowych linii genetycznych Manju i Nasreen w Afryce Północnej i w Lewancie oraz ich popularność w Indiach wyklucza północną trasę do Europy i potwierdza trasę południową przez Morze Czerwone. Teraz przyjrzymy się dokładniej genetycznym i innym dowodom najwcześniejszej pionierskiej kolonizacji Azji Południowej i wybrzeża Oceanu Indyjskiego. Do naszej historii wkracza teraz szerzej chromosom Y wraz z kilkoma znacznikami genetycznymi odmiennymi od genów Adama i Ewy. Do Azji Południowej zaliczamy wszystkie kraje leżące wzdłuż pionierskiej trasy przeszukiwaczy plaż na północnym wybrzeżu Oceanu Indyjskiego.

CI, KTÓRZY PRZEŻYLI WIELKĄ WĘDRÓWKĘ: MIEJSCE I CZAS

Jeżeli wszyscy nie-Afrykanie mają wspólne pochodzenie, data wyjścia przodków Aborygenów australijskich musi być taka sama jak Europejczyków, Hindusów i Chińczyków. Początki wszystkich szlaków powinny się zbiegać w jednym punkcie przestrzeni i czasu i wszystkie kolonie pozostawione na szlakach powinny przechować genetyczne, a nawet fizyczne klucze tych, którzy danymi drogami przeszli. I tak jest rzeczywiście. Przyglądając się mtDNA lub chromosomom Y pochodzącym od kogokolwiek spoza Afryki, potrafimy umiejscowić go na właściwej gałęzi drzewa genetycznego zakorzenionego u wyjścia z Afryki, a jego dokładna pozycja na tym drzewie bardzo często mówi nam, jak się tam znalazł, a czasem również, kiedy to nastąpiło. Powinniśmy jednak poskromić skłonność do wyciągania pewnych wniosków z pojedynczego datowania genetycznego. Dokładna struktura rozgałęzień drzewa genetycznego i geograficzne rozprzestrzenienie gałęzi często ujawniają o wiele więcej od dat otrzymanych z zegara molekularnego[169]. Te daty są raczej przybliżeniami i powinny być zawsze rozpatrywane w kontekście innych danych, takich jak informacje klimatyczne, które mówią nam, w jakich okresach występowały czynniki sprzyjające, a w jakich ograniczające migracje, przy czym należy oczywiście uwzględniać dane z odkryć archeologicznych. Archeologiczne znaleziska ze szlaku wzdłuż plaż są naturalnie bardzo skąpe. Pomiędzy 60 000 i 80 000 lat temu poziom mórz wahał się od 50 do 80 metrów poniżej obecnego, a więc plaże, a także tereny w głębi lądu, przez które wędrowali nasi przodkowie i które odwiedzali, znajdują się teraz głęboko pod wodą. Jak jednak zobaczymy – są na szczęście wyjątki. Wzdłuż wybrzeża Oceanu Indyjskiego wciąż znajdujemy niewielkie kolonie tak zwanych ludów aborygeńskich, które być może wywodzą się lokalnie od owych pierwszych przeszukiwaczy plaż. Na długo przed przeprowadzeniem badań mtDNA zaliczano je do ludów aborygeńskich na podstawie ich kultury i wyglądu, odróżniających ich od ludzi żyjących wokół: niektórzy mieli rysy afrykańskie, kręcone włosy i bardzo ciemną skórę. Dla wsparcia tego wrażenia w tym i w następnym rozdziale przedyskutuję bardziej obiektywne dowody genetyczne i fizyczne, lecz warto najpierw nadać nazwy kilku

grupom, o których mówimy. Takim ludom często nadaje się kontrowersyjne i nie do końca uzasadnione określenia, takie jak „australoidalne”, „negroidalne” lub „negryci”, aby wskazać cechy odróżniające je od ludów otaczających. Zaczynając od wybrzeża południowoarabskiego, mamy więc na zachodzie Hadramaut, którego ludność opisano jako australoidalną z niemal na pewno znaczną późniejszą domieszką afrykańską. Na wybrzeżu pakistańskim wokół ujścia Indusu odnaleziono grupy etniczne negrytów Makrani. Tu również istnieją genetyczne i historyczne dowody znacznej, niedawnej domieszki afrykańskiej wynikającej z handlu niewolnikami. Nie mogło się to zdarzyć w przypadku takich typów negroidalnych jak znane z Indii plemiona Kadar i Paniyan. Istnieje również nieco południowoazjatyckich grup aborygeńskich nazywanych protoaustraloidalnymi, na przykład Korava, Yanadi, Irula, Gadaba i Chenchu (Czenczu) w Indiach oraz Weddowie na Sri Lance. Ostatnie badania dwóch grup, Czenczu i Koya, bardzo silnie pokazały nie tylko szczególne powiązanie ich dziedzicznego mtDNA i chromosomów z innymi południowo-zachodnimi Azjatami, lecz także cechy charakterystyczne dla najwcześniejszego dziedzictwa genetycznego tego regionu. Ich osiadli na plażach przodkowie z Afryki mogli dostarczyć genetycznego zaczynu dla późniejszego zróżnicowania odmiennych wschodnich i zachodnich eurazjatyckich puli genów, a do nich samych mogła dopłynąć z innych regionów jedynie wąska strużka genów[170].

Na Andamanach, archipelagu leżącym między Indiami i Azją Południowo-Wschodnią w Zatoce Bengalskiej, znajdujemy kilka grup z tradycyjną, niepiśmienną kulturą i bardzo wyraźnym tak zwanym afrykańskim wyglądem. Grupami najmniej dotkniętymi przez dopływy zewnętrzne są Jarawa i Onge, mieszkające na południowym krańcu Andamanów. Ostatnie badania genetyczne, nadal jeszcze analizowane, być może rzucą światło na ich pochodzenie ze strony ojców i matek. Po stronie żeńskiej Onge i Jarawa cechują dwie grupy mitochondrialne, które lokują ich w superklanie Manju, a więc potwierdzają przynależność do tej samej pojedynczej migracji, tego samego pojedynczego wyjścia z Afryki. Te linie genetyczne wskazują

powiązania z bazą dwóch starodawnych unikatowych indyjskich klanów Manju, M2 i M4. M2 jest najstarszą i najbardziej zróżnicowaną indyjską grupą Manju i jednocześnie najpowszechniejszą komponentą mtDNA wśród wspomnianych wyżej indyjskich grup aborygeńskich. Po stronie ojcowskiej Onge i Jarawa należą jedynie do klanu Abla (najrzadszej z trzech wywodzących się z Afryki linii Y, znanej jako grupa D lub azjatycka YAP). Wszystko to jest zgodne z poglądem, że Onge i Jarawa przetrwali w wyizolowanych grupach od czasu wczesnej wędrówki przeszukiwaczy plaż wokół Oceanu Indyjskiego. Inne grupy aborygeńskie na tych wyspach to mieszkańcy Wielkiego Andamanu, nieco różni kulturowo i fizycznie. Pod względem genetycznym gałęzie ich rodów należą do tych samych unikatowych linii Manju, ale ich wszystkie chromosomy Y pochodzą od Seta, kolejnego z trzech synów Adama, który wyszedł z Afryki (rysunki 4.2–4.4)[171].

Idąc dalej tym tropem, natrafiamy na tak zwanych negrytów, ludy z Półwyspu Malajskiego, znane pod ogólną nazwą Semangów, być może najbardziej prawdopodobną pozostałość po starych zbieraczach plażowych. Inną grupą reliktową być może wywodzącą się od zbieraczy plażowych w Indochinach i na Półwyspie Malajskim są tak zwani Aborygeni malajscy, którzy fizycznie stanowią typ pośredni między Semangami i populacją mongoloidalną (zob. rozdział 5). Co najważniejsze, to oni uchodzą za klucz do najwcześniejszych gałęzi linii mtDNA, charakterystycznej dla populacji mongoloidalnej, znanej jako klan F. Ten protoplasta wschodnioazjatyckiej wstępnej żeńskiej linii F Aborygenów malajskich jest wspólny dla nich i dla żyjących za wodą mieszkańców Wielkiego Andamanu, o których mówiliśmy wcześniej, oraz plemion zamieszkujących Nikobary nieco dalej na południe[172].

W tym i w następnym rozdziale opowiem więcej o różnych ludach i koloniach uważanych za pozostałości po pierwszej wielkiej wędrówce szlakiem wzdłuż wybrzeża Oceanu Indyjskiego. Jak zwykle, najważniejsze jest, by pamiętać, że drzewo genetyczne mówi nam, iż nie było to wcześniejsze wyjście z Afryki, jak przypuszczało

nieco archeologów i paleontologów, lecz awangarda kolonizacji całego Starego Świata.

Ciekawe, że najpewniejsze, jeżeli nie jedyne, dowody archeologiczne datujące szlak zbieractwa plażowego wzdłuż wybrzeża Oceanu Indyjskiego pochodzą nie z Indii, Arabii Południowej lub Afryki, lecz z późniejszych części szlaku – z Półwyspu Malajskiego, Nowej Gwinei i Australii. A więc wybierzemy się tam na wycieczkę, aby zobaczyć tych, którzy pierwsi podróżowali najdalej wokół Oceanu Indyjskiego – mieszkańców Nowej Gwinei i Australii.

PIERWSI AUSTRALIJCZYCY

Być może akademicka dysputa, jaka rozgorzała na temat, *jacy* ludzie i *kiedy* pierwsi dotarli do Australii, wzbudziła o wiele gorętsze emocje niż jakiekolwiek pytanie dotyczące archeologii w tym regionie. Pytanie „jacy?" jest sztandarowym zawołaniem multiregionalistów, których powtarzające się argumenty o zróżnicowanym regionalnie kształcie czaszek wcześniejszych ludzi (zob. rozdział 1) tracą znaczenie w miarę przybywania dowodów genetycznych świadczących o tym, że wszyscy współcześni Australijczycy i mieszkańcy Nowej Gwinei należą albo do klanu Nasreen, albo Manju[173]. Innymi słowy, nie jest to żaden szczególny przypadek, nie są oni ani wcześniejszym typem człowieka, ani ludźmi rozumnymi, skrzyżowanymi z lokalnym *Homo erectus.* Gromadzenie coraz pewniejszych dowodów nie powstrzymało multiregionalistów, którzy usiłują zdobyć jak najstarsze próbki DNA, aby reanimować swą interpretację. Jednakże obecnie dostępne dowody wskazują na mieszkańców antypodów należących do tej samej, jedynej migracji L3 z Afryki, co wszyscy[174]. Teraz na czoło wysuwa się pytanie „kiedy?". Historycy wolą łączyć zdarzenia z datami, niż zadowolić się ich prostym, chronologicznym porządkiem, więc zajmę się najpierw datami, choć jest to prawdopodobnie ostatnia kwestia, jaką ostatecznie da się rozwiązać.

Najwcześniejszy, ogólnie akceptowany archeologiczny dowód kolonizacji ludzi rozumnych poza Afryką jeszcze do niedawna znajdował się w Australii, ale w tej dziedzinie zmiany następują szybko. Do roku 1990 nie było żadnych oczywistych dowodów bytności ludzi rozumnych w Australii wcześniej niż 40 000 lat temu. Teraz wydaje się, że tak samo jak w przypadku Europy, w znacznej mierze wynikało to z ograniczonych możliwości metody datowania radiowęglowego. Od kiedy zaś zaczęto stosować nową metodę datowania, tak zwane datowanie luminescencyjne krzemu, pozwoliło ono badaczom na przekroczenie granicy 40 000 lat – kresu możliwości metody radiowęglowej. W 1990 roku australijski zespół geologiczno-archeologiczny, Richard Roberts i Rhys Jones, datował najstarsze kamienne schronienie człowieka (rysunek 4.1) na wybrzeżu Ziemi Arnhema w północnej Australii na okres od 50 000 do 60 000 lat temu. Ziemia Arnhema leży naprzeciw Timoru, najbliższej wyspy archipelagu Indonezji, a więc najbardziej prawdopodobnego punktu startowego pierwszych Australijczyków[175].

Dane te pozwoliły dokonać radykalnego zwrotu. W 1996 roku archeolog Robert Fullagar badał sztukę naskalną w Jinmium. Ściana tego skalnego schronu jest pokryta artefaktowymi wyszczerbieniami, jakby wydziobanymi wydrążeniami. Fullagar doniósł o pokrytym rytami kawale piaskowca, który odpadł i został zagrzebany w osadach; dwa niezależne badania oceniły jego wiek na 50 000 i 75 300 lat. Odkrył nawet kamienne artefakty z poziomów datowanych termoluminescencyjnie na okres od 116 000 do 176 000 lat temu, co oznaczałoby najstarsze osadnictwo ludzkie na kontynencie, dwa lub trzy razy starsze od wspomnianych powyżej kamiennych schronów w Ziemi Arnhema. Te nowe daty wywołały poruszenie, ale problem pozornie zniknął, gdy wykazano, że zanieczyszczenie ziarnami piasku z opadającego gruzu było przyczyną tak wczesnego datowania otoczonych zewsząd ziemią artefaktów. Innymi słowy, daty nie były prawdziwe, a analiza poszczególnych ziaren piasku pomogła wykryć i usunąć niedokładności spowodowane zanieczyszczeniami. Zatem najstarsze ślady osadnictwa w Australii nadal datujemy na 60 000 lat temu[176].

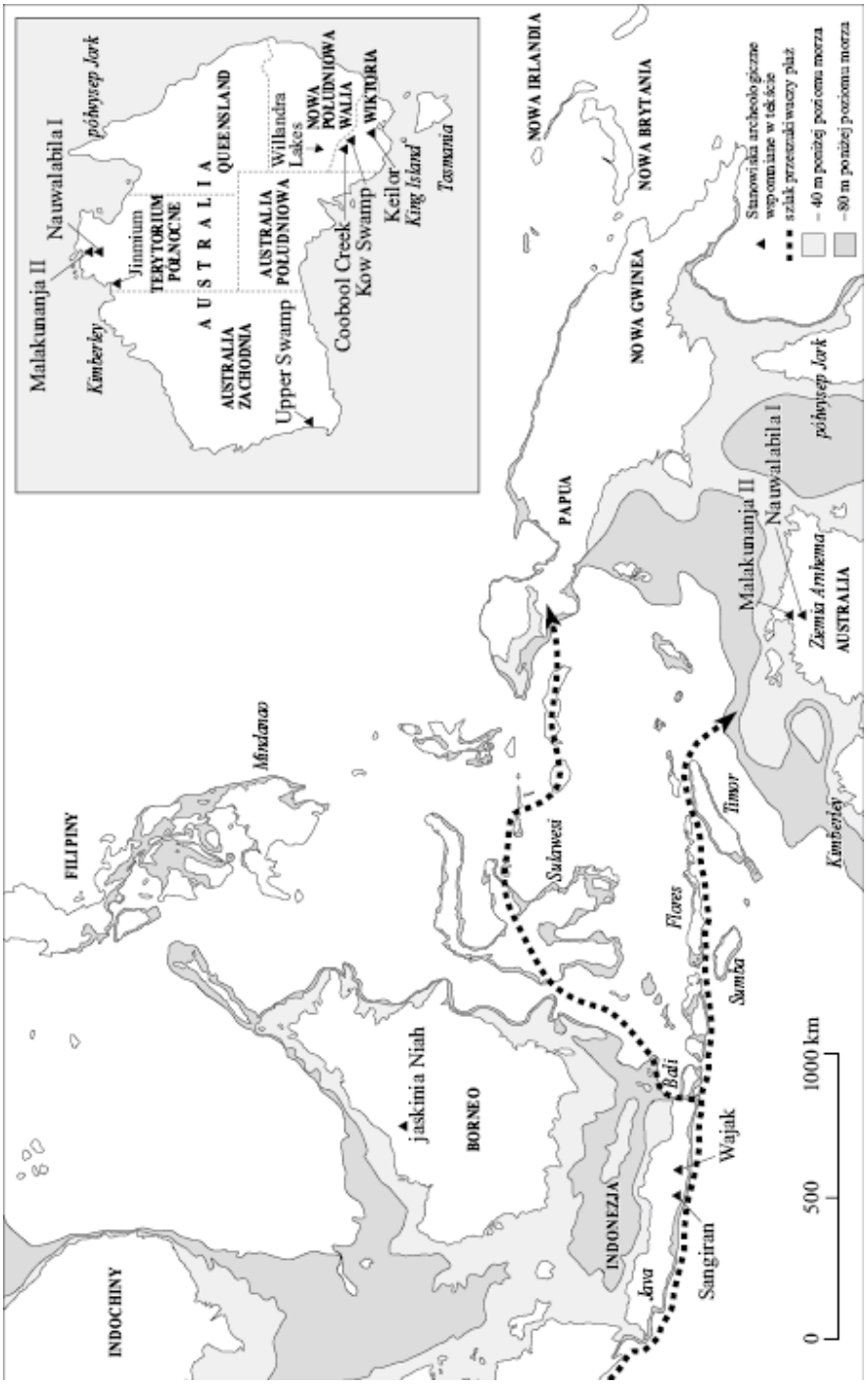
Ostatnio opublikowano informację o datowaniu najstarszego osadnictwa w Australii na 62 000 lat. Wiek oceniono, badając kilkoma metodami grunt wokół szkieletu przystojnego, anatomicznie współczesnego człowieka znalezionego nad jeziorem Mungo w regionie Willandra Lakes w południowo-wschodniej Australii. W jednym z opracowań wskazano, że tak dawny wiek znalezisk dowodzi, iż pierwsi Australijczycy musieli przybyć wcześniej, korzystając z niskiego poziomu morza. Obniżenie poziomu morza wcześniej niż 70 000 lat temu stwarzało sposobność dotarcia do Australii, co sugeruje, że anatomicznie współczesny człowiek znad jeziora Mungo może być rzeczywiście jednym z najstarszych na tym kontynencie, gdyż poprzednie obniżenie poziomu morza nastąpiło o dalsze 80 000 lat wcześniej, czyli u zarania naszego gatunku[177].

JEDYNA OKAZJA DO WYKORZYSTANIA

Niezależnie od akademickich sporów zauważamy zbieżność dowodów z różnych stanowisk, wskazujących na ludzką obecność w Australii nie później niż 60 000 lat temu. Przypada to na okres końca bardzo niskiego poziomu światowych oceanów spowodowanego uwięzieniem wody w lodowych czapach na północy, co obniżyło australijskie wybrzeża o 80 metrów poniżej obecnego poziomu. Choć największe obniżenie poziomu mórz nastąpiło przed 70 000 lat, poziom światowego oceanu pozostał bardzo niski do 65 000 lat temu, po czym wzrósł raczej gwałtownie[178].

Trudno uznać, że obecność ludzi na północno-zachodnim wybrzeżu Australii wcześniej niż 62 000 lat temu odpowiada czasowi ich przybycia, gdyż niski poziom mórz skończył się 3000 lat wcześniej. Nie dałoby się bowiem dostać do Australii wcześniej niż 62 000 lat temu. Głębokość wód podczas obniżenia ich poziomu istotnie zwiększała szanse na przekroczenie morza oddzielającego Timor od Australii. Z mapy konturowej głębokości morza u północnych wybrzeży Australii możemy odczytać, że odległość Australii od Timoru, która przy obniżeniu poziomu wody o 80 metrów

wynosiła 170 kilometrów, przy 40 metrach wzrastała do 220 kilometrów, a przy 20 metrach do 470 kilometrów.



Rysunek 4.1. Ostatni skok do Australii. Tak mogły wyglądać południowo-wschodnia Azja (Sunda) i Australia/Nowa Gwinea (Sahul) 70 000 lat temu przy obniżonym

o 80 metrów poziomie mórz. Przeczesując plaże, można było dojść suchą nogą aż do Bali, skąd dalej prowadziły na Sahul dwie trasy wymagające przeskakiwania z wyspy na wyspę. Łatwiejsza była południowa na Timor, lecz i w jej przypadku odegrało rolę otwarcie drogi dzięki obniżeniu poziomu mórz.

Różnica między 170 a 220 kilometrów może wydawać się niewielka, ale w czasach wcześniejszych niż 20 000 lat temu 180 kilometrów oznaczało absolutną granicę morskich podróży międzywyspowych gdziekolwiek na świecie. Najstarszy przypadek pokonania takiej odległości, potwierdzony dowodami archeologicznymi, to kolonizacja wyspy Manus na północ od Nowej Gwinei około 20 000 lat temu. Chyba że kolonizacja Australii postępowałaby powoli, gdyby wykorzystano szansę dotarcia tam w okresie od 65 000 do 70 000 lat temu – lecz zauważalne dla archeologów dowody bytności powstały dopiero w okresie od 55 000 do 62 000 lat temu. W każdym przypadku kolonizacja Australii wyłącznie na drodze przypadkowego dryfu jest scenariuszem nieprawdopodobnym w świetle dowodów genetycznych – wielokrotnego znalezienia australijskich linii macierzystych. Taka data przybycia jest zgodna z genetycznie wyznaczoną datą 68 000 lat dla ekspansji australijskiej populacji[179].

Dowód zasiedlenia tych terenów wcześniej niż 60 000 lat temu musimy również umieścić w innym kontekście: w kilku miejscach najwcześniejszego pobytu ludzi w Australii znajdujemy sterty muszli. Prawdopodobnie pierwsi ludzie w północno-zachodniej Australii zaraz po przybyciu nadal zajmowali się przeszukiwaniem plaż. Jeżeli tak, nie powinniśmy oczekiwać żadnych datowanych dowodów ich początkowej bytności na wybrzeżu, gdyż morze Timor wlało się na 500 kilometrów w głąb lądu, zalewając pierwsze zamieszkane plaże. Pierwszy datowany dowód z Australii północno-zachodniej z okresu po przybyciu ludzi podczas niskiego stanu wód od 65 000 do 70 000 lat temu może oczywiście pochodzić z następnego okresu wysokiego poziomu mórz, który trwał od 55 000 do 60 000 lat temu; wówczas wody podniosły się jedynie 20 metrów poniżej dzisiejszego poziomu i lokalizacje plaż były zbliżone do obecnych. Położenie plaż w pobliżu kamiennych schronów na Ziemi Arnhema, zgodne z przewidywaniami

dla okresu przed 55 000–60 000 lat oraz z rzutem poziomu mórz wykonanym przez geologa Richarda Robertsa dla okresu sprzed 50 000–60 000 lat, odpowiada zasiedleniu tego obszaru w owym czasie. W świetle zależnego od wahań poziomu mórz opóźnienia od kolonizacji do pojawienia się archeologicznych dowodów zasiedlenia kolejny niski poziom mórz sprzed 55 000 lat wystąpił oczywiście za późno, by po pokonaniu morza możliwe było archeologiczne potwierdzenie bytności osiedleńców wcześniej niż 50 000 lat temu[180].

Podobne zagadki dotyczące wędrówki potencjalnych kolonistów przez morze dotyczą sąsiadki Australii, olbrzymiej wyspy Nowej Gwinei, choć są pewne znaczące różnice. Istnieje wyraźna możliwość, że Nowa Gwinea została skolonizowana nawet wcześniej niż Australia. Przede wszystkim we wschodniej Indonezji mamy dwie trasy możliwego przeskakiwania z wyspy na wyspę (rysunek 4.1). Jak widzieliśmy, droga na wprost z Timoru do Australii wymaga bardzo niskiego poziomu mórz, aby udało się pokonać ostatni odcinek przez morze Timor. Na naturalnej trasie do Nowej Gwinei przez Celebes i Moluki odległości między wyspami są mniejsze i potencjalnie mniej zależne od poziomu mórz. Wzdłuż trasy z jednej wyspy widać drugą. Wyspy mają krótsze linie brzegowe i szlak do Nowej Gwinei przekracza jedynie w niewielkim stopniu szelf kontynentalny. W rezultacie zmiany poziomu morza nieznacznie zmieniają się odległości między wyspami i w takim bądź innym okresie naszym przodkom było równie łatwo (bądź trudno) dotrzeć z Borneo[181].

Można by zapytać, czy istnieją jakieś dowody, że Australijczycy nie wybrali tej alternatywnej, nieco dłuższej trasy północnej, Australia w tym okresie była bowiem połączona z Nową Gwineą. Obraz genetyczny mówi nam o braku wspólnych klanów w Australii i Nowej Gwinei, a Nowogwinejczycy są genetycznie tak odlegli od Australijczyków, jakby pochodzili od innych, niewywodzących się z Afryki ludzi. Ponadto czas ekspansji nowogwinejskich rdzennych klanów mtDNA ocenia się na 77 000 lat, co oznacza, że są znacznie starsze od australijskich. Sugeruje to, że Nowa Gwinea mogła zostać

skolonizowana przed Australią oraz że klany australijskie nie pochodzą od nowogwinejskich; innymi słowy, pierwsi koloniści australijscy być może uznali za łatwiejsze posuwanie się szlakiem niezamieszkanych wysp, aczkolwiek stanowiło to większe wyzwanie[182].

Ta kusząca historia genetyczna, zgodna z potwierdzoną niezależnością kolonizacji Australii i Nowej Gwinei i odrębnością ich rozwoju, nie pasuje do wielu datowanych znalezisk archeologicznych z wysp wschodniej Indonezji i Nowej Gwinei. Aż do ostatnich czasów nie było dowodów ludzkiej obecności na żadnym z dwóch wyspowych szlaków wiodących przez wschodnią Indonezję sprzed 40 000 lat, nie mówiąc już o 70 000 lat. Może to zmienić ekscytujący nowy dowód z Flores, jednej z największych wysp na trasie południowej. Głęboki wykop (7 metrów) w Liang Bua odsłonił jaskinię z ciągłym zapisem archeologicznym z 840 000 lat. Liang Bua może odegrać znaczącą rolę, dostarczy bowiem dowody kulturalne i paleontologiczne ze znacznej części tego okresu, łącznie z datą przybycia ludzi rozumnych. Dwa ludzkie gatunki zamieszkiwały w jaskini w tym okresie. Pierwsi mieszkańcy nie byli prawdopodobnie ludźmi rozumnymi. Przybliżona data zamieszkania w jaskini ludzi rozumnych jest wciąż ustalana, ale może stać się najlepszym dowodem potwierdzającym wczesne ich przybycie do Azji Wschodniej[183].

Teraz, biorąc pod uwagę argument wykorzystania okazji, jaką dało obniżenie poziomu mórz, możemy przyjąć, że rzeczywista kolonizacja Australii nastąpiła w okresie od 60 000 do 70 000 lat temu, a Flores i nawet Nowa Gwinea zostały skolonizowane 75 000 lat temu. Należy zatem zapytać, o ile wcześniej ludzie rozumni musieli opuścić Afrykę, aby przebyć cały szlak do mórz południowych. Nietrudno zgadnąć, że na to pytanie trudno odpowiedzieć. Przede wszystkim nie potrafimy określić, ile dokładnie czasu zajęło przeszukiwaczom plaż pokonanie drogi do Timoru lub Celebesu, jeżeli nie pozostawili na drodze kilku dowodów. Z zapisu poziomów morza wynika, że plaże przeszukiwane przez naszych przodków od 60 000 do 80 000 lat

temu leżą teraz tak głęboko pod wodą, że nie możemy oczekiwać, iż znajdziemy wiele dowodów – chyba że będziemy nurkować.

NAJSTARSZE POZOSTAŁOŚCI Z TRASY PRZESZUKIWACZY PLAŻ?

Problemem jest również to, że nasi praojcowie, opuszczając Afrykę ponad 70 000 lat temu, mogli na początku wytwarzać i wykorzystywać starożytne narzędzia bardzo podobne do produkowanych przez archaicznych *Homo sapiens*, którzy mogli opuścić Afrykę przynajmniej 100 000 lat wcześniej (zob. prolog). Takie środkowopaleolityczne narzędzia sprzed nawet 160 000 lat znajdujemy często w Indiach, są więc mało przydatne jako znaczniki przybycia tam ludzi anatomicznie współczesnych. Narzędzia ze środkowego paleolitu są również liczne w piaskach na południowym wybrzeżu Półwyspu Arabskiego, ale nie potrafimy ich datować ze znaczną pewnością. Jemenowi, proponowanemu przeze mnie miejscu lądowania pojedynczego exodusu, archeolodzy nie poświęcili dotąd wiele uwagi, ale znaleziono tam kilka kamiennych narzędzi podobnych do tych z Afryki, ze środkowej epoki kamienia[184].

Kilka wczesnych datowań archeologicznych oraz sugestie nawet starszej kolonizacji Nowej Gwinei zostały wsparte przez niezwykłą ponowną analizę paleolitycznej kultury Kota Tampan odkrytej w dolinie Lenggong w Perak na Półwyspie Malajskim, w odległości dwóch trzecich drogi z Afryki do Australii. Tę kulturę po raz pierwszy zidentyfikowano dzięki znalezieniu wielkich, dziwacznych i raczej nieobrobionych kamiennych narzędzi, ukształtowanych jedynie z jednej strony, uznanych przez archeologów w 1960 roku za dzieło wcześniejszych gatunków ludzkich. Kiedy przyjrzano się warstwom otaczającym te narzędzia, stało się jasne, że pochodzą z okresu znacznie późniejszego. Szerzej zainteresowano się nimi w roku 1975, gdy Tom Harrison, kurator Muzeum Sarawaku, próbował odnieść je do wielkiej erupcji wulkanu Toba na Sumatrze. Na podstawie badania pyłów wulkanicznych otaczających narzędzia na tym

stanowisku archeologicznym wysunął sugestię wywołującą lawinę, która dopiero teraz zaczyna zwalniać wystarczająco, by inni mogli się przyjrzeć sprawie[185].

Najwięcej wysiłku w zbadanie Kota Tampan i doliny Lenggong włożyła archeolożka Zuraina Majid z Uniwersytetu Sains Malaysia w Penangu. Po intensywnej pracy na wielu stanowiskach w dolinie Lenggong zasugerowała, że lokalna kultura narzędzi otoczakowych istniała od wielkiego wybuchu wulkanu Toba aż do okresu ponad 7000, a może nawet tylko 4000 lat temu[186]. W takim razie może ona udzielić odpowiedzi na jedno z najbardziej dręczących pytań dotyczących jednopowierzchniowych narzędzi otoczakowych[187]: kto je wykonał? Nawet przy dużej dozie dobrej woli trudno je uznać za zaawansowane. Lepiej wyglądające konstrukcje praludzie wykonywali o wiele wcześniej w Afryce i w Europie, więc dlaczego ktokolwiek przypuszcza, że te jednopowierzchniowe narzędzia otoczakowe zagrzebane w piaskach wulkanicznych zostały wykonane przez ludzi rozumnych żyjących w okresie wybuchu Toby?

Dwa największe autorytety w dziedzinie paleolitu Azji Południowo-Wschodniej, australijscy archeolodzy Peter Bellwood i Sandra Bowdler, zgodzili się w pełni z Zurainą Majid i Tomem Harrisonem, że te narzędzia zostały najprawdopodobniej wykonane przez anatomicznie współczesnych ludzi. Po pierwsze, daty powstania większości narzędzi otoczakowych znalezionych w dolinie Lenggong są zbyt późne, aby było możliwe wykonanie ich przez kogoś innego. Po drugie, żadni ludzie przedrozumni nie znaleźli się nigdy na Półwyspie Malajskim, a więc również w dolinie Lenggong. Kartą atutową Zurainy jest mnóstwo opublikowanych danych o „człowieku z Perak", znalezisku dokonanym przez jej zespół w jaskini Gunung Runtuh w dolinie Lenggong w 1990 roku. Kompletny szkielet człowieka rozumnego znaleziony tam w otoczeniu narzędzi otoczakowych wedle opisów dokonanych przez ekspertów miał cechy australijsko-melanezyjskie. Jego wiek oceniono na około 10 000 lat. To jasne powiązanie narzędzi otoczakowych z człowiekiem rozumnym podważa przekonanie, że narzędzia otoczakowe z Kota Tampan były zbyt surowe, zbyt mało obrobione, aby mogły zostać

wykonane przez ludzi rozumnych. Ta sama lokalizacja wskazuje na ciągłość rozwoju starszych narzędzi, o czym – według Zurainy – świadczą porównania techniczne. Przynajmniej dotychczas „człowiek z Perak" jest więc najlepszym lokalnym dowodem, że zagrzebane w popiołach starsze narzędzia otoczakowe zostały wykonane przez ten sam (rozumny) gatunek człowieka[188].

Innym wybitnym ekspertem w dziedzinie archeologii Azji Południowo-Wschodniej jest Richard Shutler. Przyjął on bardziej ogólny punkt widzenia, że tego rodzaju narzędzia zostały przyniesione do wyspiarskiej Azji Południowo-Wschodniej przez *Homo sapiens* około 70 000 lat temu (wyspiarska Azja Południowo-Wschodnia – w przeciwieństwie do kontynentalnej Azji Południowo-Wschodniej – oznacza wyspy Indonezji i Filipin, bez zachodniej Nowej Gwinei, ale łącznie z Borneo). Shutler ostrzega przed poglądem, że takie narzędzia są odzwierciedleniem kulturowego opóźnienia, i zgadza się z innymi badaczami, że jakość dostępnych surowców często determinuje możliwość wykonania narzędzi, a do wykonania niektórych bardziej zaawansowanych, takich jak noże, mógł być wykorzystywany bambus[189].

Jaki jest więc wiek popiołów z Kota Tampan? Gdy kilkadziesiąt lat temu dokonywano pierwszej oceny, oszacowano go na 31 000 lat. Takie datowanie popiołów z wulkanu Toba zawsze budziło sprzeciw geologów, a nawet archeologów takich jak Peter Bellwood[190]. W tym czasie bowiem nie było potężnego wybuchu Toby. Ostatnia wielka erupcja, największa w ciągu ostatnich dwóch milionów lat, zdarzyła się o wiele wcześniej – od 71 000 do 74 000 lat temu. Ostatnio kilku geologów, łącznie z tym, który dokonał oryginalnego datowania, zgodziło się, że popioły otaczające narzędzia pochodziły rzeczywiście sprzed 74 000 lat. Datowanie to sprawa krytyczna. Jeżeli narzędzia otoczakowe z Kota Tampan zostały wykonane przez ludzi rozumnych, byłyby najstarszym dokładnie datowanym dowodem istnienia ludzi rozumnych poza Afryką. Wygląda więc na to, że przodkowie Australijczyków mogli opuścić Afrykę i dotrzeć szlakiem przeszukiwaczy plaż do Malezji przed wielkim wybuchem wulkanu Toba.

To powiązanie kamiennych narzędzi z popiołami w Malezji, być może ważniejsze od precyzyjnego datowania, stawia pierwszych Hindusów i Pakistańczyków w obliczu największej katastrofy, jaka kiedykolwiek spotkała ludzkość. Była nią erupcja Toby, największy wybuch, jaki się zdarzył w ciągu dwóch milionów lat. Niesione wiatrem pióropusze pyłów wulkanicznych frunęły na północny zachód i pokryły cały subkontynent indyjski (rysunek 4.3). Nawet dzisiaj w całym regionie znajdujemy grube na metr warstwy popiołów. W dwóch miejscach w Indiach są one powiązane z narzędziami ze środkowego i górnego paleolitu[191]. Ważną zapowiedzią tego powiązania narzędzi i popiołów jest głębokie i wyraźne genetyczne rozszczepienie Wschodu i Zachodu; Indie mogły ostatecznie powrócić do życia przez rekolonizację z każdej strony. Jak zobaczymy, takie rozszczepienie istnieje na genetycznej mapie Azji.

Pomimo bliskości Peraku i Toby pióropusze pyłów jedynie musnęły Półwysep Malajski. Mieszkańcy Kota Tampan nie mieli szczęścia – innym na półwyspie udało się uciec. Niektórzy twierdzą na podstawie porównania morfologii czaszek, że łowcy-zbieracze Semangowie – aborygeńscy Negryci, wciąż zamieszkujący gęste lasy tropikalne Malezji, są potomkami ludzi w rodzaju człowieka z Perak. Ciągłość kultury Kota Tampan, jak twierdzi Zuraina Majid, pozwala łączyć ją z liczącymi 74 000 lat narzędziami zagrzebanymi w popiołach Toby. W następnym rozdziale przyjrzymy się fizycznym dowodom powiązań Semangów z pierwszymi ludźmi rozumnymi eksplorującymi wybrzeże Oceanu Indyjskiego[192].

Dzięki funduszom Discovery Channel udało się przeprowadzić genetyczny przegląd grup aborygeńskich Półwyspu Malajskiego; realizowałem ten projekt we współpracy z angielskim genetykiem Martinem Richardsem. Była to część znacznie szerzej zakrojonych badań genetycznych planowanych w Azji Wschodniej. Wyniki analiz mtDNA okazały się bardzo ekscytujące: trzy czwarte grupy Semangów (tzn. typu Negryci) miało własne unikatowe linie genetyczne Manju i Nasreen z bardzo niewielkimi domieszkami zewnętrznymi, co potwierdzałoby pogląd, że ich przodkowie mogli tu

przybyć z pierwszymi przeszukiwaczami plaż. Ich dwie unikatowe linie sięgają wstecz wprost do korzeni Manju i Nasreen (pierwszych dwóch córek Ewy, która wyszła z Afryki – zob. rozdział 1). Linii Manju nie dzielą z nikim w Azji Południowo-Wschodniej i Wschodniej i pomimo dość intensywnego dryfu genetycznego spowodowanego zmniejszaniem się populacji w ostatnich latach, pozostaje zróżnicowanie wystarczające do wskazania przybliżonego wieku około 60 000 lat. Unikatowa grupa po stronie Nasreen, R21, pochodzi od Rohani, genetycznej córki Nasreen. Ten brak jakichkolwiek specyficznych powiązań z jakimikolwiek populacjami eurazjatyckimi jest zgodny z twierdzeniem, że po tak dawnym przybyciu na miejsce ludzie ci pozostali genetycznie izolowani w dżungli Półwyspu Malajskiego[193].

Kolejny fragmentaryczny dowód regionalny może pomóc umiejscowić anatomicznie współczesnych ludzi na Dalekim Wschodzie ponad 70 000 lat temu. To słynny południowochiński szkielet z Liujiang. Składa się z dobrze zachowanej czaszki i zaledwie kilku innych kości. Został znaleziony w małej jaskini Tongtianyan w regionie autonomicznym Kuangsi-Czuang w 1958 roku przez rolników zbierających nawóz. Nie ma wątpliwości, że należał do człowieka anatomicznie współczesnego, ale od początku zaczęły się spory dotyczące jego wieku. Metodą uranową oceniono go na 67 000 lat, co zostało zakwestionowane na podstawie jego dokładnego położenia względem datowanych warstw geologicznych. W grudniu 2002 roku chińska grupa pod kierownictwem geologa Shena Guanjuna ogłosiła ponowne wyniki badania stratygrafii jaskini i datowania czaszki (obejmujących kilka sąsiednich jaskiń), określając jej wiek w przedziale od 70 000 do 130 000 lat, ale nie mniej niż 68 000 lat temu. Czaszka została znaleziona w tak zwanej brekcji intruzyjnej, wtórnym napływie okruchów z przemieszanych materiałów o różnym wieku. Jak twierdzą badacze w artykule opublikowanym w prestiżowym „Journal of Human Evolution”, dolna granica 68 000 lat wydaje się niewzruszona, gdyż wynika z wielokrotnego oszacowania wieku nacieków i pokrycia brekcji. (Nacieki powstają, gdy spływająca woda osadza kalcyt na ścianie

lub w podłożu). Uznanie przez chiński zespół za przedział najbardziej prawdopodobny wieku od 111 000 do 139 000 lat temu na podstawie datowania niestratyfikowanych fragmentów nacieków i kalcytu wewnątrz brekcji wydaje mi się bardzo wątpliwe. Niezależnie od wyniku, bezpieczniejsza dolna granica obecności anatomicznie współczesnych ludzi na Dalekim Wschodzie dodatkowo wspiera tezę o wczesnym wyjściu przez Morze Czerwone przed wybuchem Toby od 71 000 do 74 000 lat temu. Aby bowiem dotrzeć do Chin wcześniej niż 68 000 lat temu, ich przodkowie musieli przewędrować przez jedną czwartą globu[194].

Niektórzy są nadal przekonani, że australijscy Aborygeni reprezentują migrację z Afryki wcześniejszą od tej, która przyniosła Europejczyków, Azjatów i rdzennych Amerykanów. Jednak znowu nasz ślad genetyczny mówi nam co innego. Kilka badań australijskich klanów żeńskich pokazało, że należą one do naszych unikatowych nieafrykańskich superklanów: Manju i Nasreen, a rozległe badania chromosomów Y dowodzą, że męskie australijskie linie genetyczne wywodzą się od tego samego Adama, który wyszedł z Afryki, i należą do linii genetycznych Seta i Kaina. Ten sam wzór pokazują znaczniki genetyczne przekazywane nie tylko przez jednego rodzica. Innymi słowy, łączony dowód genetyczny silnie sugeruje, że Australijczycy są również potomkami tej samej pojedynczej migracji z Afryki. Logika tego podejścia w połączeniu z omówionym wyżej datowaniem archeologicznym określa czas pojawienia się człowieka rozumnego na Półwyspie Malajskim ponad 74 000 lat temu, a w Australii około 70 000 lat temu. Jest to również zgodne z datą wyjścia z Afryki przewidzianą na podstawie analizy przeszukiwania plaż. Jak widzieliśmy w rozdziale 1, motywacją do opuszczenia kontynentu afrykańskiego mogło być załamanie się zasobów zbieranych na plażach u wybrzeży Morza Czerwonego spowodowane gwałtownym wzrostem zasolenia, jaki rozpoczął się 80 000 lat temu. Według mojego oszacowania dat po wyjściu z Afryki dotarcie do Perak wybrzeżem wokół Oceanu Indyjskiego pochłonęło zaledwie 6000 lat, po czym na dotarcie do Australii potrzeba było kolejnych 4000 lat. Taka ocena czasu wynika z różnicy dat wyjścia z Afryki około 80 000

lat temu i przybycia do Australii około 70 000 lat temu. Jest to zgodne z datami ekspansji afrykańskiego klastra L3, oszacowanymi wcześniej za pomocą zegara molekularnego (zob. rozdział 1)[195].

SPOJRZENIE W TWARZ MATKI MILIARDA RODZIN

Od czasu opublikowania w „Newsweeku" w 1988 roku mitochondrialnej historii Ewy dziennikarzy i twórców filmowych obsesyjnie niepokoi pytanie, jak wyglądała ona i jej towarzysze. Jest prawdopodobne, że znacznie różnili się między sobą wyglądem, o wiele bardziej od przypadkowo wybranych obecnych nie-Afrykanów. W końcu z tego rodu wywodzą się wszyscy nie-Afrykanie i wszystkie dowody wskazują, że różnice w obrębie poszczególnych grup malały i nadal maleją wraz z oddalaniem się od Afryki. Jednocześnie różnice między poszczególnymi grupami, powiedzmy, między Chińczykami, rodowitymi Amerykanami, Polinezyjczykami, Melanezyjczykami i Australijczykami, a więc między tak zwanymi rasami wzrastają wraz z oddaleniem się od Afryki. Wyraźmy to w inny sposób. Moja świętej pamięci kochana teściowa, która była Chinką, powiedziała mi kiedyś – i to wcale nie żartem – że wszyscy Europejczycy wydają się jej podobni. Europejczycy to samo mówią o Chińczykach. Musimy rozwiązać ten paradoks, nim zaczniemy dalej kreślić obraz genetycznej diaspory poza Afryką.

Oznacza to pytanie o rozszczepienie, z którego rodziła się różnorodność. To, co wydaje się paradoksem, jest w rzeczywistości rezultatem nierównego podziału grup i wynikającego stąd dryfu genetycznego. Można to wyjaśnić następująco: gdy wędrowcy dzielili się na coraz więcej i więcej gałęzi, oryginalne wariacje genetyczne skupiały się w różnych grupach rozproszonych dzisiaj po Azji i Ameryce. Przez ostatnie mniej więcej 50 000 lat członkowie tych poszczególnych odszczepionych grup byłej afrykańskiej diaspory upodabniali się coraz bardziej między sobą, bez zmniejszania różnic międzygrupowych. Odszczepione grupy różniły się coraz bardziej jedna od drugiej. Jak wyjaśnię dalej, wiele tych zmian wynikało

z ewolucyjnego przystosowania się do nowego środowiska, niektóre po prostu z takiego, a nie innego nierównego podziału całości.

Co to oznacza? Odpowiedzią jest ten sam proces, który toczył się już wtedy, gdy pierwsza niewielka grupa opuszczała Afrykę. Wyobraź sobie – jak to uczyniliśmy w poprzednim rozdziale – zbiór różnorodności ludzkiego rodu jako torbę z żetonami do gry. Powiedzmy, że w Afryce dawniej niż 75 000 lat temu było tych żetonów 10 000. Po przejściu Morza Czerwonego w założycielskiej kolonii pozostało ich 250. To zmniejszenie liczby jest nazywane „efektem założycielskim". Gdy taka kolonia pozostawała w izolacji gdzieś w Arabii Południowej przez kilka tysięcy lat, reprodukcja pewnych żetonów się nie powiodła, a inne stały się dominantami. Zbiór wariacji genetycznych się zmniejszył. To zjawisko, jak wyjaśniliśmy w rozdziale 1, nazywamy dryfem genetycznym.

Gdy kolonia wyruszała dalej, nastąpił nierówny podział. Jeśli grupa stawała się za duża, by wyżyć na danej plaży, mniejsze, „pionierskie" grupy oddzielały się i wyruszały w głąb lądu w górę rzek. Te mniejsze grupy przenosiły dalej coraz mniej oryginalnych genetycznych żetonów wyniesionych z Afryki. Tak działały nadal efekt założycielski i dryf.

Teraz musimy zapytać, co było pniem, a co pędem. Czy przeszukiwacze plaż byli zawsze większością, a eksploratorzy rzek mniejszością, czy może na pewnym etapie główny rdzeń skręcił w głąb lądu? Która grupa zachowała większość żetonów? Wydaje się, że takie pytanie ma charakter akademicki, ale jeżeli chcemy stanąć twarzą w twarz z grupą najbardziej zbliżoną do przodków, którzy uczestniczyli w oryginalnym wyjściu z Afryki, musimy odpowiedzieć na pytanie: w której ze współczesnych nieafrykańskich populacji zachowała się największa mnogość oryginalnych żetonów genetycznych afrykańskich przodków?

JĄDROWE ZNACZNIKI GENETYCZNE: WIĘKSZA TORBA ŻETONÓW DO PRZEJRZENIA W POSZUKIWANIU NAJSTARSZYCH EGZEMPLARZY

W dalszym poszukiwaniu różnorodności nie możemy polegać na mitochondrialnych znacznikach genetycznych i analizie chromosomów Y. Z dotychczasowych badań wynika, że tylko jeden oryginalny żeton afrykański ostatecznie przetrwał po męskiej i żeńskiej linii ojca i matki reszty świata. Jak już wspomniałem, dzięki temu możemy twierdzić, że było tylko jedno wyjście z Afryki (zob. rozdział 1). W pojedynczej linii nie ma żadnej różnorodności. Jeżeli chcemy porównywać genetyczną różnorodność afrykańskich przodków z resztą świata, potrzebujemy znaczników genetycznych, które przetrwały efekt założycielski i dryf genetyczny w większej różnorodności i liczbie, a nie tylko w pojedynczych liniach. A zatem musimy szukać w reszcie zestawu genetycznego, jaki pozostał w jądrze naszych komórek i nie jest powiązany wyłącznie z jedną lub drugą płcią.

Dla jasności przypominam, że moja żetonowa analogia jest wielkim uproszczeniem. Jeżeli patrzymy na zdumiewająco małą część naszego DNA, która rzeczywiście jest do czegoś przydatna, odkrywamy, że dla każdego genu może występować od jednej do kilkunastu nieco różnych wersji. Te wersje mogą być zwykle połączone w jedno genetyczne drzewo genealogiczne. Korzenie każdego drzewa genetycznego i jego najniższe gałęzie są w większości afrykańskie, wyższe gałęzie zaś i od czasu do czasu niektóre wcześniejsze są spotykane z różną częstotliwością poza Afryką. Dodatkowo możemy się przyjrzeć niefunkcjonalnej części naszego DNA, która również progresywnie pozyskuje dodatkowe pakiety informacji bez znaczenia; mogą one posłużyć genetykom jako znaczniki poczty śmieciowej. Te dodatkowe pakiety mogą się kumulować, aż osiągną 10-procentowy udział w całym DNA. Nieobecność specyficznych dodatkowych pakietów u danego osobnika generalnie oznacza, że pod względem genetycznym pozostaje on w typie afrykańskim lub swoich przodków[196].

W poszukiwaniu społeczności, które w największym stopniu zachowały oryginalną afrykańską spuściznę genetyczną, ponownie trafiamy do Australii i Nowej Gwinei. Te dwa lądy tworzące olbrzymi, odległy i częściowo zalany szelf kontynentalny Sahul przechowały

więcej oryginalnych afrykańskich typów genetycznych niż jakakolwiek nieafrykańska część świata[197]. Jednak dzisiejsi mieszkańcy Nowej Gwinei i Australijczycy już nie są do siebie podobni i jedyną społecznością w regionie wyglądającą w przybliżeniu jak współcześni Afrykanie są Melanezyjczycy z ich ciemną skórą i gęsto kręconymi włosami. Nawet górali z Nowej Gwinei, których uważamy za „najmniej rozwodnionych" Melanezyjczyków z oryginalnej populacji plejstoceńskiej, cechuje znacznie większe bogactwo cech (są grubokościści z mocnymi łukami brwiowymi – zob. rozdział 5) niż obecnych Afrykanów. A tu aż prosi się o pytanie, jak Afrykanie wyglądali w czasie wyjścia ludzi rozumnych około 80 000 lat temu. Niemal na pewno nie tak jak dzisiejsi smukli, pełni wdzięku Bantu, Niloci, Pigmeje lub !Kung. Kopalne czaszki z jaskiń Qafzeh i Skhul, datowane na okres od 90 000 do 120 000 lat temu, są o wiele bardziej krzepkie niż czaszki współczesnych Afrykanów, co sugeruje, że pod tym względem zmienili się o wiele bardziej niż nowogwinejscy górale. Mieszkając przez lata zarówno na Nowej Gwinei, jak i w Afryce, przypuszczam, że gdyby nasza zrekonstruowana na podstawie jednej z czaszek z Qafzeh Ewa przeszła przez jakąś nowogwinejską wioskę, nikt nie zwróciłby na nią uwagi, ale o wiele trudniej byłoby umiejscowić ją w Afryce.

GENETYCZNE ŚLADY WYJŚCIA WŚRÓD RELIKTOWYCH SPOŁECZEŃSTW BLIŻEJ AFRYKI

A co z innymi ludami, które mogą być genetycznie bliższe Afrykanów za sprawą położenia na starym szlaku przeszukiwaczy plaż? Czego możemy się dowiedzieć, porównując częstotliwości zachowywania typów genetycznych przodków wśród Afrykanów i nie-Afrykanów? Wyróżniają się tu dwa regiony. Najbardziej zbliżone (wraz z Australijczykami i Nowogwinejczykami) są te w Pakistanie i na południu Półwyspu Arabskiego zajęte przez Europejczyków, a potem Hindusów. W poszukiwaniu najdrobniejszych pozostałości

afrykańskiej różnorodności i najdalszego dryfu trafiamy na ludy z Azji Wschodniej i Ameryk[198].

Udział Pakistańczyków i południowych Arabów w zachowaniu starożytnej afrykańskiej różnorodności genetycznej odpowiada wartości, której mogliśmy oczekiwać na podstawie proponowanej przez nas południowej trasy wyjścia z Afryki, której wybór potwierdzają inne dowody. Nad południowym wybrzeżem Arabii znajdujemy izolowane ludy Hadramaut, opisane jako australoidalne. Ich żeński materiał genetyczny zawiera 40% afrykańskich linii genetycznych, lecz choć niektóre ze znaczników mogą mieć związek z Ewą, matką linii pozaafrykańskich, większość tych linii dotarła z Afryki później. Dalej wzdłuż wybrzeża Oceanu Indyjskiego i Półwyspu Indyjskiego społeczności również pozostają genetycznie bliższe afrykańskich korzeni niż mieszkające dalej na wschód ludy azjatyckie. Hinduskie grupy etniczne, zarówno kasty, jak i szczepy, zostały włączone do wielkich badań znaczników w autosomalnym DNA (niepowiązanych z płcią). Odkryto silniejsze pozostałości cech afrykańskich przodków niż wśród Europejczyków i innych grup azjatyckich[199].

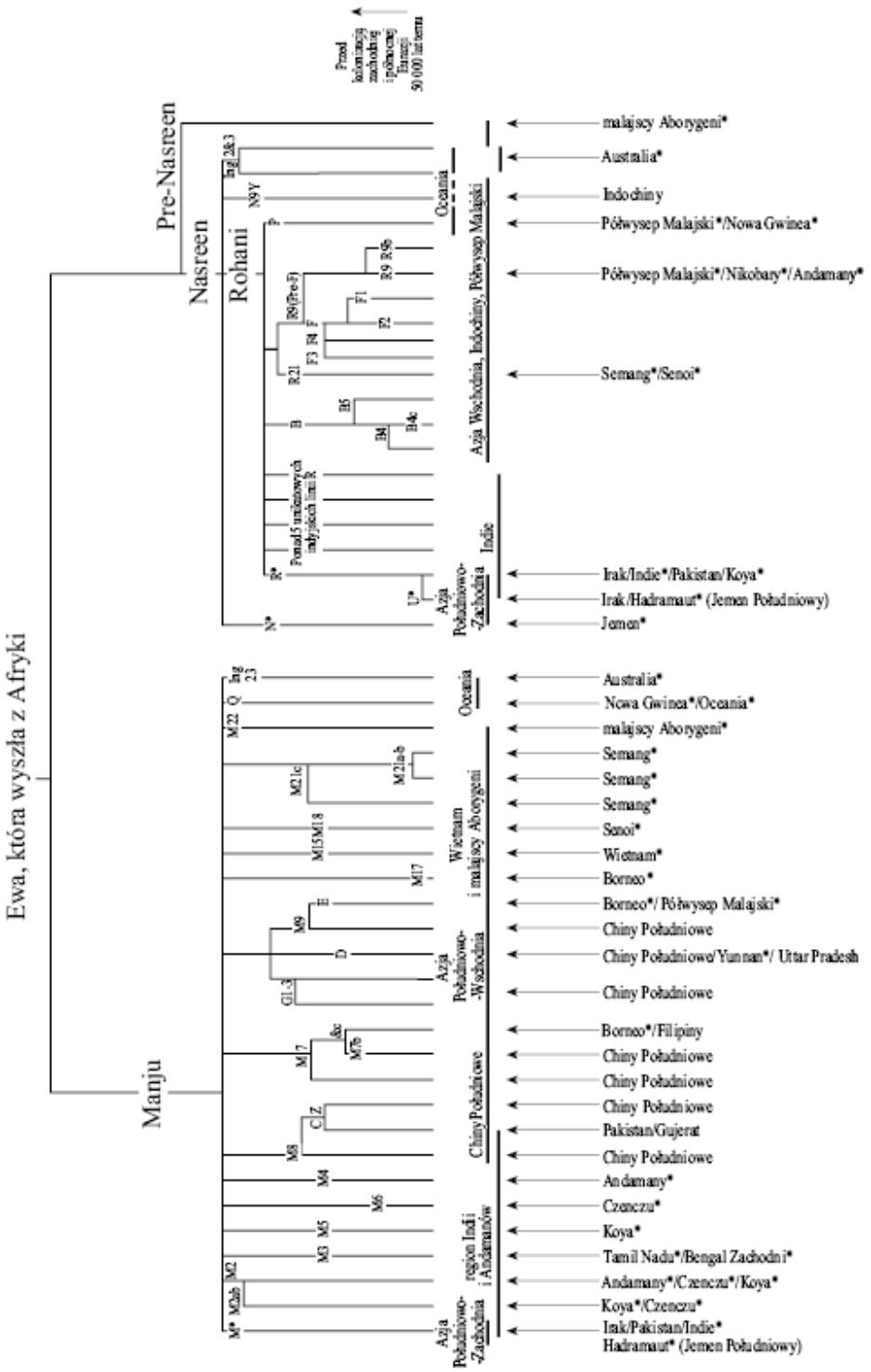
Istnieją jeszcze inne oznaki, świadczące o zachowaniu afrykańskiej różnorodności genetycznej w Pakistanie. Choć ludność Pakistanu zachowała niektóre starożytne powiązania mtDNA z Indiami i Środkowym Wschodem, posiada również unikatowe znaczniki, jakich nie znajdujemy nigdzie indziej poza Afryką. Te ludy rzeczywiście zachowały starożytne powiązania. Makrani, jedna z tak zwanych aborygeńskich grup negryckich, została odkryta u ujścia Indusu na beludżystańskim wybrzeżu Pakistanu. Spekulujemy, że dostali się tam z Afryki szlakiem wzdłuż wybrzeża. Mają afrykański chromosom Y, poprzednio znajdowany jedynie w Afryce, charakterystyczny dla Afryki subsaharyjskiej. Ten sam znacznik znajdujemy nieco rzadziej wśród innych populacji południowego Pakistanu, Arabii Saudyjskiej i Zjednoczonych Emiratów Arabskich oraz częściej w Iranie. Inny unikatowy znacznik chromosomu Y pojawia się poza Afryką wyłącznie w tym regionie. Jeszcze inny znacznik chromosomu Y wskazuje na Pakistan jako wczesne źródło

i punkt rozchodzenia się dróg. Jest to wczesne odgałęzienie Adama, ojca wychodzących z Afryki, spotykane nader często w Pakistanie i rzadziej tylko w Indiach (zwłaszcza wśród grup plemiennych), a dalej na północ na Bliskim Wschodzie, w Kaszmirze, w Azji Środkowej i na Syberii. Fakt, że tego znacznika nie znajdujemy w położonej dalej na wschód części Azji, sugeruje, iż jedyną drogą, jaką mógł dotrzeć do Azji Środkowej, było wczesne rozprzestrzenienie na północ w górę Indusu do Kaszmiru i dalej na północ[200].

POCHODZENIE EUROPEJCZYKÓW: GDZIE URODZIŁA SIĘ NASREEN?

Fakt, że afrykańska różnorodność genetyczna zachowała się przede wszystkim w Azji Południowej, sugeruje uznanie tego regionu za miejsce rozejścia się dróg. Możemy teraz skupić uwagę na mocy naszego żeńskiego i męskiego genetycznego drzewa genealogicznego, pozostawiając na boku ślady starożytnych przesunięć. Choć znalezienie korzeni i wczesnych gałęzi linii Nasreen i Manju wzdłuż wybrzeży Arabii Południowej i Beludżystanu jest znaczącym dowodem potwierdzającym tezę, że jedyna grupa opuszczająca Afrykę trasą południową skierowała się najpierw do Azji Południowej, niekoniecznie jednak identyfikuje dokładne miejsce pochodzenia Nasreen lub jej sześciu zachodnich córek, łącznie z Rohani i jej zachodnioeurazjatyckimi córkami (U, HV i JT) (rysunek 4.2). Choć wiadomo, że Rohani pochodzi z Azji Południowej (zob. niżej), miejsce urodzenia jej zachodnioeurazjatyckich córek jest mniej oczywiste, ale bardzo interesujące. Jednakże gdy przyglądamy się całości mitochondrialnej genetycznej kolekcji Bliskiego Wschodu (łącznie z Lewantem, Anatolią, Armenią, Azerbejdżanem i północnym Kurdystanem oraz położonymi dalej na południe regionami Jemenu, Arabii Saudyjskiej, Iraku i Iranu), ujawnionej przez europejską analizę założycielską Martina Richardsa i jego kolegów, zauważamy największą różnorodność genetyczną zachodnich córek Rohani w nadzatokowej części Iraku (zob. rozdział 3). Warto zauważyć, że

w Iraku mamy największą liczbę niesklasyfikowanych korzeni typów genetycznych oraz nieobecność innych niż Rohani grup zachodnich córek Nasreen takich jak W, I i X. A więc może zachodnie córki Rohani urodziły się dalej na południu, w Mezopotamii lub nad Zatoką Perską albo przed pierwszą migracją na północ w górę Żyznego Półksiężyca, albo podczas niej[201].



Rysunek 4.2. Genetyczne drzewo genealogiczne mtDNA. Pokazuje gałęzie mtDNA napotykane wzdłuż wybrzeża Oceanu Spokojnego, Indyjskiego, Oceanii i antypodów. W każdym przypadku zauważamy genetyczną kontynuację od Azji Południowej po Japonię i południowo-zachodni Pacyfik. Linie poziome reprezentują

regiony, a pionowe strzałki wskazują wybrane lokalizacje; nazwy z gwiazdkami (*) – domniemane populacje reliktowe ze szlaku.

Takie pytania można zadać jedynie po przeprowadzeniu formalnej analizy założycielskiej takiej, jaką wykonał Martin Richards ze współpracownikami, aby prześledzić europejskich założycieli, tym razem w celu porównania w czasie regionów Azji Południowej z Lewantem. Sam uważam, że hinduska wnuczka Rohani, U2i, jest w tym samym wieku (około 50 000 lat) co jej siostra U5 w Europie, a najprostszym rozwiązaniem zarówno dla Rohani, jak i jej córek (Europy, HV i JT) jest urodzenie się na południu rejonu Zatoki Perskiej w połowie drogi z Indii do Europy. Na pewno, jak widzieliśmy w rozdziale 3, można znaleźć silne argumenty przemawiające za tym, że kilka wczesnych nieafrykańskich grup chromosomu Y ma swoje korzenie raczej w Azji Południowej niż w Lewancie[202].

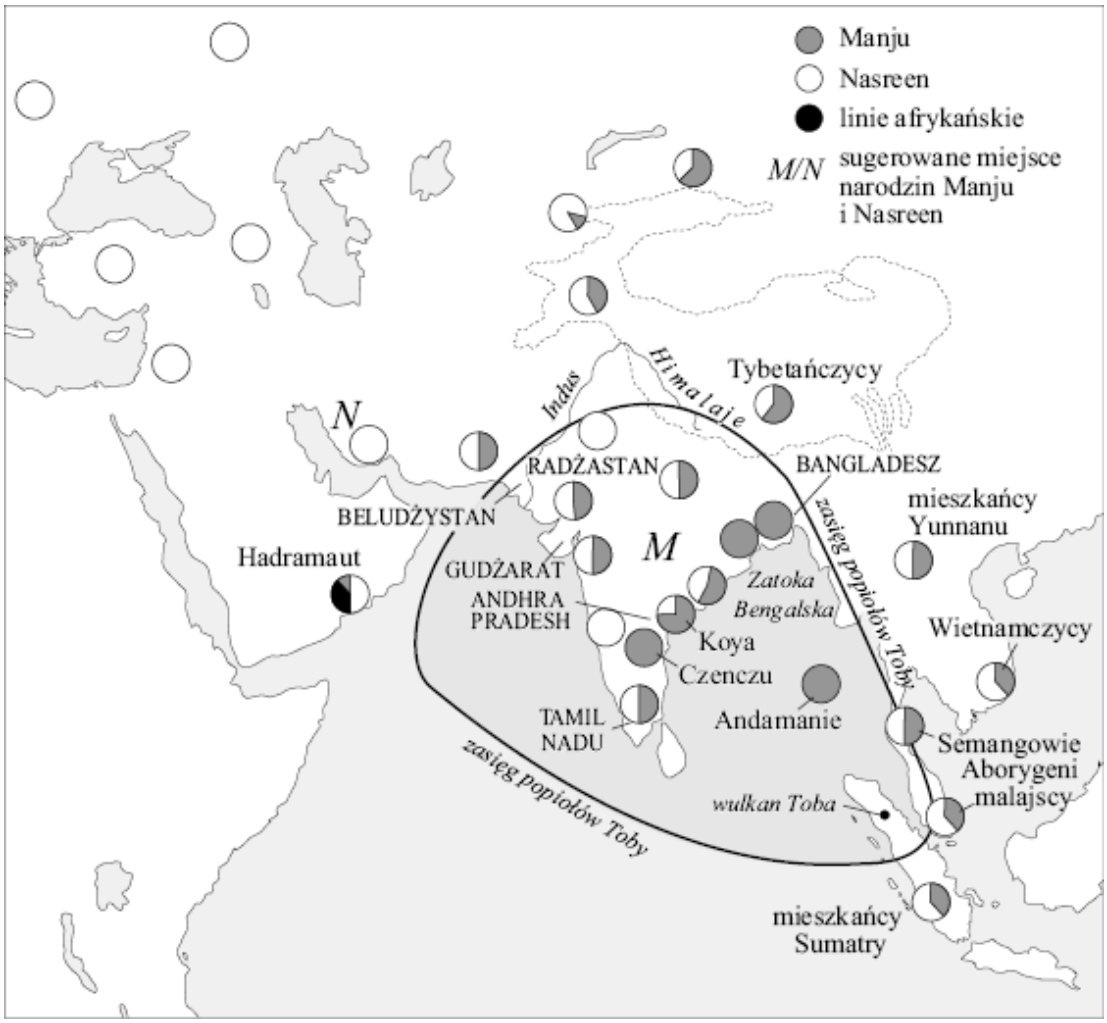
AZJA POŁUDNIOWA: SKARBNICĄ WSZYSTKICH LINII AZJATYCKICH?

O ile mamy niewiele publikacji o znacznikach genetycznych południowego Półwyspu Arabskiego, o tyle bardzo dużo wiemy o subkontynencie indyjskim. Mitochondrialnym DNA zajmuje się estońska grupa badawcza razem z azjatyckimi współpracownikami i w znacznej mierze dzięki nim kilka innych grup europejskich i amerykańskich obecnie wspólnie pracuje nad chromosomem Y. Kieruje to naszą uwagę na Indie i Pakistan. Pakistan jest zapleczem Indusu, głównej drogi dającej bezpośredni dostęp z Azji Południowej do Środkowej na zachód od Himalajów. Indie, Bangladesz i Birma również mają swoje wielkie południowoazjatyckie rzeki, Ganges, Brahmaputrę i Saluin, niosące wody z południa i wschodu Himalajów.

Półwysep Indyjski ze swą różnorodnością odmiennie wyglądających mieszkańców i ich kultur stanowi bogatą etnicznie strefę przejściową między Eurazją Wschodnią i Zachodnią. Na północ i zachód widzimy tylko bardzo stopniowe zmiany w wyglądzie ludzi,

łącznie z pigmentacją skóry (zob. rozdział 5), gdy przesuwamy się z Pakistanu przez Afganistan i Iran i dalej na zachód do Europy. Podobieństwa między wieloma południowymi Azjatami a Europejczykami są uderzające.

To stopniowe przejście ze wschodu na zachód przez północne Indie i Pakistan odpowiada względnej częstotliwości dwóch genetycznych superklanów córek, Nasreen i Manju, z linii założycielskiej Ewy, która wyszła z Afryki (L3) (rysunek 4.3). W przypadku ludów Hadramaut w Jemenie te częstotliwości pozostają w stosunku 5:1 Nasreen do Manju, co jest zgodne z poglądem, że Nasreen pochodzi z rejonu Zatoki Perskiej położonego bardziej na zachód niż Manju. Między Morzem Czerwonym i ujściem Indusu w Pakistanie zachodnioeurazjatyccy genetyczni potomkowie Nasreen nadal przewyższają liczebnie członków azjatyckiego superklanu Manju. Gdy przesuwamy się przez ujście Indusu w Beludżystanie w stronę Indii, obraz zaczyna się zmieniać. Stosunek linii Nasreen do Manju maleje do 1:1 w daleko wysuniętych na zachód stanach Radżastanu i Gudżaratu. Nim dotrzemy do Bengalu i Bangladeszu, stosunek odwraca się i Manju zaczyna dominować. Widzimy zatem, że w Indiach dominuje klan Manju, z częstotliwością rosnącą w miarę przesuwania się z zachodu na wschód[203].



Rysunek 4.3. Rozprzestrzenienie klanów Manju i Nasreen na południu Eurazji. W zachodniej Eurazji występuje tylko Nasreen; w większości wschodniej Nasreen i Manju są mniej więcej równo wymieszane, ale na wschodnim wybrzeżu Indii znajdujemy niemal wyłącznie Manju. To ostatnie jest zgodne z niemal lokalnym wymarciem po wybuchu Toby i zasiedleniem wybrzeża jedynie przez Manju.

Na północy i wschodzie Indii zmiany są nawet gwałtowniejsze. W Nepalu, Birmie i wschodnich Indiach natrafiamy na pierwsze wschodnioazjatyckie twarze mongoloidalne. Te społeczności generalnie mówią językami wschodnioazjatyckimi, kontrastując silnie z sąsiadami, ktorzy w większości posługują się językami indoaryjskimi i drawidyjskimi. Nim dotrzemy do wschodniej Birmy i Tybetu po północnej stronie Himalajów, zmiana tradycji etniczno-lingwistycznych i wyglądu na wschodnioazjatycki jest zupełna, tak

jak całkowita zmiana mitochondrialnych subklanów Manju i Nasreen. Na przykład w Tybecie stosunek klanów Manju do Nasreen nawet powraca do wartości 3:1 i nie widać żadnego przekonującego nakładania się tych subklanów z Indiami (rysunek 4.2). Zamiast tego w Tybecie mamy 70% typowych wschodnich i południowo-wschodnich azjatyckich subklanów Manju i Nasreen wraz z resztkami niesklasyfikowanych typów Manju lokalnego pochodzenia. Północno-wschodnia część subkontynentu indyjskiego okazuje się najklarowniejszą i najgłębszą granicą między wschodem i zachodem[204]. Ta granica prawdopodobnie odzwierciedla linię głębokiego genetycznego rozłamu nakreśloną przez chmurę popiołów z wybuchu wulkanu Toba sprzed 74 000 lat.

Zdążając na południe Półwyspu Indyjskiego, widzimy coraz częściej ludzi ciemnoskórych, z kręconymi włosami, okrągłookich, tak zwanego typu drawidyjskiego (zob. rozdział 5). Porównanie kształtu czaszek łączy wielką społeczność Tamilów na południu Indii z Senoi, aborygeńską grupą pośrednią między Semangami i malajskimi Aborygenami (zob. wyżej)[205].

MANJU NARODZIŁA SIĘ W INDIACH, NASREEN PRAWDOPODOBNIE NIECO DALEJ NA ZACHÓD W ZATOCE PERSKIEJ

Manju, niemal całkowicie nieobecna w zachodniej Eurazji, daje nam wiele powodów do wnioskowania, że jej miejscem narodzenia są Indie. Tam odnotowujemy największą różnorodność i starożytność dziedzictwa tego klanu. Nigdzie więcej nie ukazuje takiej rozmaitości i nie ma tak wielkiego udziału wśród podstawowych i unikatowych typów gałęzi drzewa. Historia najstarszej z wielu jej córek, M2, sięga w Indiach 73 000 lat. Chociaż data ekspansji M2 nie jest precyzyjna, może oznaczać odrodzenie się populacji po wyniszczeniu spowodowanym wybuchem Toby przed 74 000 lat. M2 jest silnie reprezentowana wśród Czenczu, zbieracko-łowieckiego australoidalnego plemienia ze stanu Andhra Pradesh. Czenczu mają własny, lokalny wariant M2, jak również wspólnych przodków

z typami M2 znajdowanymi na pozostałym obszarze Indii. Ogólnie rzecz biorąc, istnieją istotne przyczyny, by za miejsce narodzin Manju uznać raczej Indie niż tereny położone dalej na zachód lub nawet Afrykę[206].

Spektrum typów Nasreen w Indiach jest również odmienne od występującego dalej na zachód. Choć europejskie typy jej wnuczek są obecne u 13% wszystkich zbadanych Hindusów, prawie wszystkie zaliczają się do dwóch europejskich subgałęzi U7 i U2i (indyjska wersja klanu U2). Towarzyszą im inne europejskie klany rozproszone na Zachodzie, praktycznie bez żadnych podstawowych typów Nasreen. Sugeruje to, że choć U7 i U2i są bardzo starymi klanami południowoazjatyckimi, przybyły z dalszego zachodu w czasie pierwszej kolonizacji Europy z Azji Południowej dawniej niż 50 000 lat temu, grubo po pierwszym wyjściu z Afryki. Nie ma też żadnego dowodu, który umiejscowiłby narodziny Nasreen w Indiach, choć odnotowujemy tam rozproszenie jej pierwszej generacji córek, mających swe odpowiedniki w Eurazji Zachodniej[207].

Rzeczywistym zaskoczeniem wśród reprezentantów klanu Nasreen jest jej córka Rohani. Jak pamiętamy, Rohani jest najpłodniejszą córką Nasreen i matką większości ludzi Zachodu, również Europejczyków, nie wspominając o dwóch dalekowschodnich córkach z bardzo licznymi rodzinami (rysunek 4.2). W Indiach ta płodność Rohani wygląda nawet na planowanie rodziny. Estoński genetyk Toomas Kivisild zidentyfikował inne liczne gałęzie córek Rohani, oczywiście wszystkie wywodzące się z Indii i niewspółdzielące innych regionów. Te nowe gałęzie są tak bogate, że wyznaczył datę ich ekspansji na około 73 000 lat temu[208].

Nigdzie indziej na zachodzie i wschodzie nie znajdujemy tak głębokiej różnorodności gałęzi w linii genetycznej Rohani. Ten jeden fakt stanowi solidną podstawę do uznania Azji Południowej za miejsce narodzin Rohani. Logiczniejsze zdawałoby się narodzenie Rohani i jej europejskich córek nad Zatoką Perską niż w Indiach, ale nie mamy na to żadnych dowodów genetycznych. Jednak przy niedużych odległościach i długim czasie inny scenariusz jest możliwy. Jedno jest całkiem nieprawdopodobne, że Rohani urodziła się

w Lewancie lub w Europie. W tych regionach nie znaleziono żadnych jej korzeni, niczego świadczącego o takiej opcji, co ponownie zamyka możliwość jakiejkolwiek wczesnej, północnej migracji z subsaharyjskich rejonów Afryki.

Najciekawsze w indyjskim rozkwicie klanów Manju i Rohani może być podejrzenie, że reprezentują one lokalne odrodzenie po wybuchu wulkanu Toba przed 74 000 lat, już po rozpoczęciu wędrówki zainicjowanej wyjściem z Afryki. Zniszczone przez erupcję Toby Indie mogły być ponownie skolonizowane od zachodu przez zachodnie typy Rohani i ponadto od wschodu przez typy Manju. Prawdopodobne wsparcie dla tej wersji pochodzi z ostatniej pracy Kivisilda i współpracowników na temat dwóch społeczności plemiennych na południowym wschodzie stanu Andhra Pradesh.[209] Jedna z nich, australoidalni Czenczu, myśliwi i zbieracze, niemal całkowicie należy do klanu Manju i reprezentuje większość cech charakterystycznych jej głównych gałęzi unikatowych dla Indii. Druga grupa, nieaustraloidalni Koya, ma podobnie bogaty zestaw cech indyjskich gałęzi Manju (60% wszystkich linii), ale również 31% unikatowych indyjskich typów Rohani. Grupy plemienne Czenczu i Koya dysponują więc starożytną biblioteką indyjskich linii genetycznych Manju i Rohani, z których pochodzi większość różnorodności genetycznej reszty indyjskiego subkontynentu. W żadnej z tych grup nie ma śladu zachodnioeurazjatyckich typów Nasreen. Obecność typów Rohani wśród Koya, ale nie wśród australoidalnych Czenczu, może pod pewnym względem pasować do rekolonizacji z zachodniej strony subkontynentu indyjskiego. U tych dwóch grup plemiennych brak jakichkolwiek wspólnych żeńskich typów genetycznych (tzn. brak wszelkich identyczności), co stanowi dowód ich niezależnego rozwoju w starożytności, pomimo oczywistego lokalnego pochodzenia genetycznego z Indii.

PIERWSZY AZJATA: TRZY KORZENIE

Czy możemy prześledzić podobną trasę i historię wędrówki wzdłuż wybrzeża Arabii i przez Pakistan do Indii dla Adama, który wyszedł z Afryki? Byłoby nam łatwiej, gdyby pozostali po nim jacyś przedstawiciele, ale jak w przypadku Ewy linia genetyczna idąca wprost od Adama wyginęła poza Afryką i jest najlepiej reprezentowana przez jego trzech synów: Kaina, Abla i Seta – trzy męskie linie, które obejmują wszystkich nie-Afrykanów (zob. rozdział 3)[210].

Jedna z tych podstawowych gałęzi, C (lub RPS4Y), którą nazwałem Kainem po pierworodnym Adama, jest wyłącznie nieafrykańska i występuje ogólnie rzadko w całej Azji Południowej i Wschodniej, Oceanii i obu Amerykach. Kain pojawia się nawet w całych Indiach (5% populacji, obejmuje też protoaustraloidalnych Czenczu). Linia Seta, F (lub M89), istnieje niemal wyłącznie poza Afryką, z wyjątkiem kilku typów podstawowych, które – jak gałęzie żeńskiej linii Manju (M1) – znalazły drogę powrotną do Afryki Północnej, zwłaszcza do Maroka. Set jest najpowszechniejszą z trzech gałęzi, napotykaną w całym nieafrykańskim świecie (rysunek 4.5) oraz licznie w Australii i na Nowej Gwinei, co jasno pokazuje połączenie na szlaku przeszukiwania plaż z pozostałymi dwoma synami genetycznymi Adama, który wyszedł z Afryki. Obejmuje około 95–98% męskich linii genetycznych w Indiach, gdzie rozszczepia się na liczne gałęzie[211].

Trzy najpowszechniejsze gałęzie Seta trudno napotkać gdziekolwiek indziej na świecie (z wyjątkiem pobliskiej, położonej nieco na północ Azji Środkowej), co przypomina wzorzec lokalnie rozkwitających indyjskich linii żeńskich. Dwie z nich, to potomstwo Grupy K lub Kryszny, najpłodniejszego syna Seta (rysunek 4.4), trzecia zaś jest idącą od Seta gałęzią pierwszego stopnia, znajdowaną nie tylko na pobliskich, leżących na północ terenach Azji Środkowej, lecz również znacznie dalej na wschód, w Kambodży. Te wszystkie trzy typy zaznaczają silnie swe cechy w szczepowych społecznościach południowych Indii, zwłaszcza u australoidalnych Czenczu. Na dodatek wśród przedstawicieli szczepu Koya cechy rzadkiego, podstawowego typu Seta pojawiają się u jednej czwartej

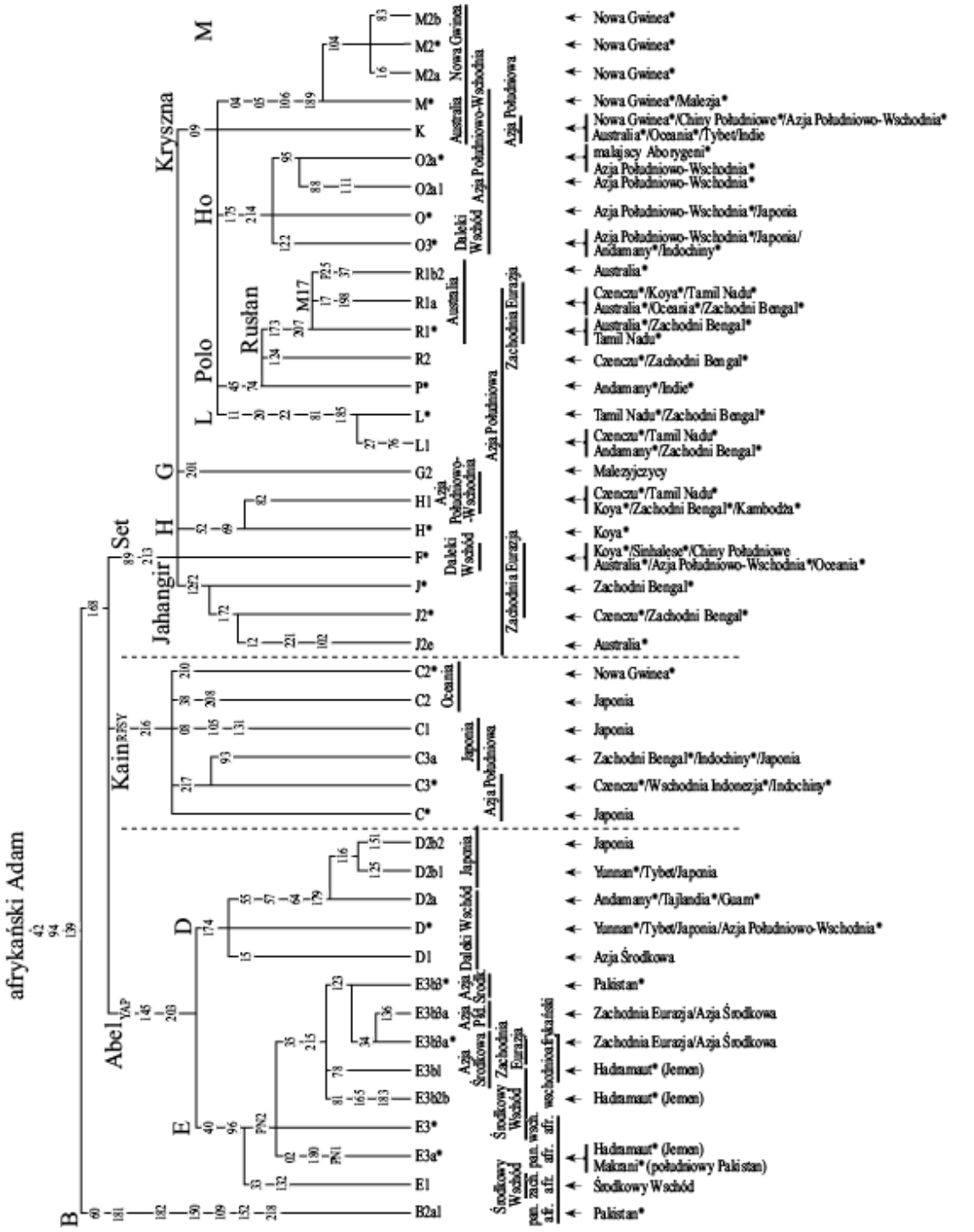
populacji. Ten typ jest znacznie ograniczony do subkontynentu indyjskiego i sąsiednich części Azji Środkowej, co wspiera opinię, że Indie były dla Seta pierwszym głównym miejscem postoju na trasie południowej[212].

Zgodnie z inną wizją wyjścia z Afryki, opartą na datowaniu chromosomu Y, początkowo przeczesywaniem plaż zajmowali się jedynie Kain i Abel; Set dotarł znacznie później przez Afrykę Północną i Lewant wprost do Azji Środkowej, a stamtąd do Indii i Azji Południowo-Wschodniej. Z tego rozdziału i pozostałego tekstu książki powinno jasno wynikać, że nie zgadzam się z tym poglądem, wskazując, iż z kilku przyczyn (obejmujących ścisłą geograficzną i genetyczną zbieżność linii założycielskich) pojedyncze wyjście południowe najlepiej wyjaśnia dokonywane odkrycia. Gdy bierzemy pod uwagę rozpowszechnienie potomków Seta w Azji Środkowej, najpowszechniejszy w Indiach typ chromosomu Y jest kluczem do odpowiedzi na pytanie, czy liczne linie Y wspólne dla Azji Środkowej i Indii mają swoje korzenie w Indiach, czy *vice versa*. Ten typ to M17, który w rozdziale 3 uznałem za najważniejszego gracza w Europie, jaki nadszedł z Azji Środkowej. Częstość M17 w całych Indiach wynosi 27%, ale w Pendżabie sięga 47%. Największą różnorodność M17 obserwujemy w Iranie, Indiach i Pakistanie, znacznie większą niż w Azji Środkowej czy Europie. Wskazuje to na Azję Południową jako region pochodzenia. Koronnym argumentem może być odnalezienie M17 w znacznej liczbie i różnorodności wśród populacji plemiennych w Indiach południowych – dotyczy to również australoidalnych Czenczu i Yadhava. Jeżeli M17 był elementem napływowym, a nie rdzennym wśród tubylczej populacji, jego różnorodność powinna być niewielka[213].

KONTROWERSJA YAP: Z AFRYKI CZY Z AZJI?

Trzecią linię pierwotną, często nazywaną YAP, ochrzciłem Ablem po drugim synu Adama. Ta linia ma niewielką, głęboką, wczesnoazjatycką gałąź znalezioną w mozaikowym rozproszeniu

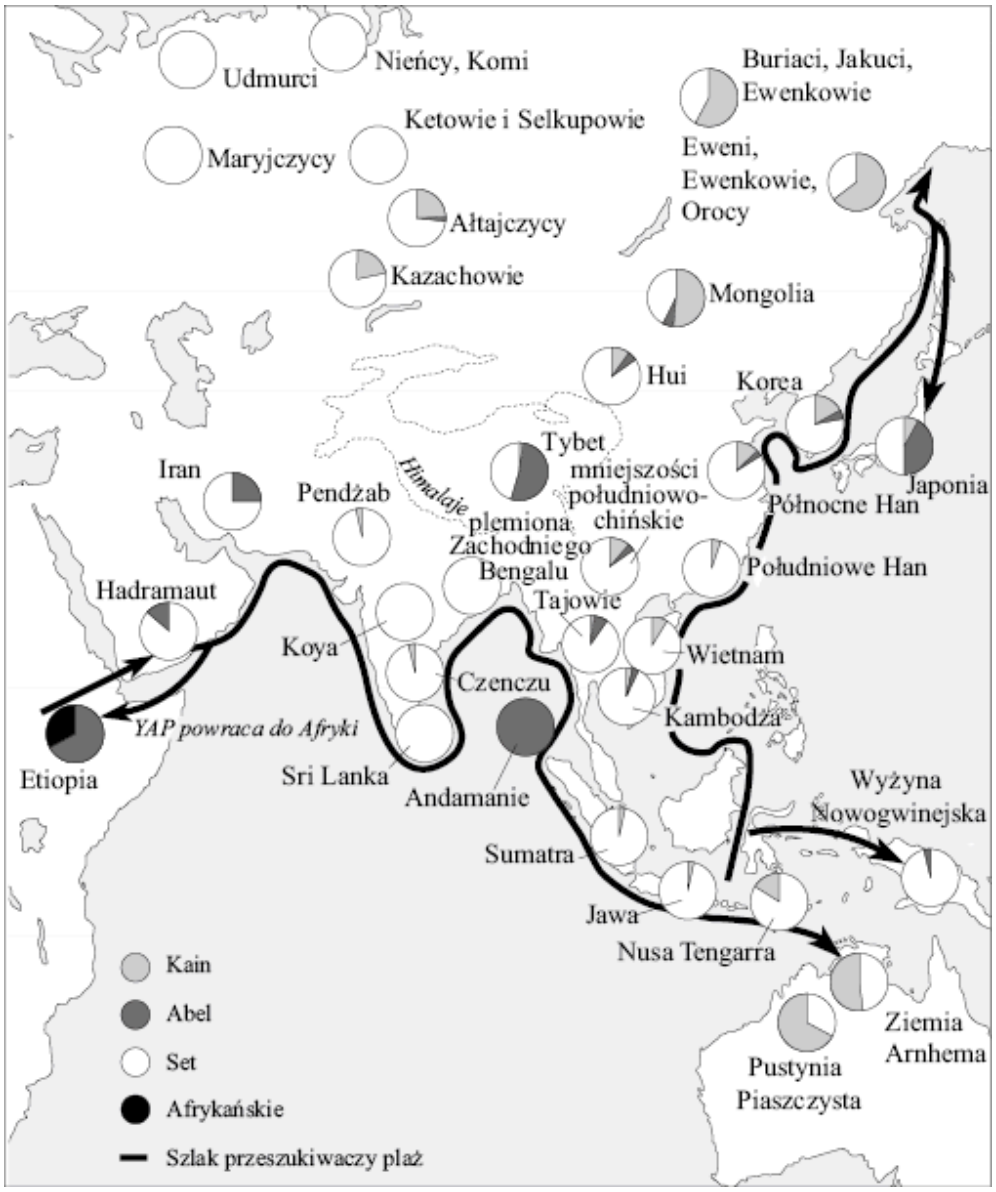
niemal wyłącznie na Dalekim Wschodzie (o czym więcej później). Inna zachodnia gałąź YAP rozszczepia się ponownie i zaludnia głównie północne części Afryki i Środkowy Wschód, choć w niewielkiej liczbie rozciąga się również na Pakistan, Indie i Azję Środkową. Niektóre pochodne linie YAP występują najpowszechniej w Afryce, inne zaś są charakterystyczne dla Środkowego Wschodu[214].



Rysunek 4.4. Drzewo chromosomu Y przeszukiwaczy plaż. Pokazuje gałęzie Y napotykane wzdłuż wybrzeża Oceanu Indyjskiego i Pacyfiku, Oceanii i antypodów. W każdym przypadku zauważamy genetyczną ciągłość od Azji Południowej po Japonię i południowo-zachodni Pacyfik.

Istnieje analogia biblijna: zgodnie z Księgą Rodzaju, dwaj bracia Set i Cham zaludnili odpowiednio Środkowy Wschód i Afrykę Północną. Z wielką szkodą dla naszej opowieści oryginalna podstawowa, męska linia Abla sprzed rozszczepienia wschodnio-zachodniej linii YAP+ raczej nie przetrwała, pozostawiając jedynie dwóch synów. Po Ablu została nam jedynie zagadka dotycząca jego pochodzenia – z Etiopii czy Arabii? To pytanie – z Afryki czy z Azji? – przetrwało w nazwie „chamicko-semickie", którą określamy grupę języków, którymi posługuje się większość potomków YAP. Niezależnie, czy dla tej rodziny języków użyjemy starszej biblijnej nazwy, czy nowszej „afroazjatyckiej", pozostanie pytanie o pochodzenie. Z powodu młodego wieku większości wielkich grup językowych w ciągu ostatnich 12 000 lat mogło nastąpić ich rozprzestrzenianie zarówno z zachodu na wschód, jak i ze wschodu na zachód.

Amerykański genetyk Mike Hammer upiera się, że YAP narodził się poza Afryką, a jeden z jego dwóch synów powrócił, z kolei zespół Petera Underhilla trwa przy pochodzeniu afrykańskim[215]. Jestem skłonny wziąć stronę Mike'a Hammera i przyjąć, że YAP rozwinął się pierwotnie w jednej z pozaafrykańskich kolonii, gdziekolwiek by to było, a potem powrócił do Afryki, ale dwuznaczność pochodzenia rodziny języków afroazjatyckich niesie w sobie więcej niż prostą analogię. Nieafrykańskie linie genetyczne, które wkradły się z powrotem do Etiopii i Afryki Północnej[216], mogły to równie dobrze zrobić po ostatnim wielkim zlodowaceniu, gdy ludzie ponownie zajmowali zazielenione, wcześniej pustynne tereny. Ciekawe, jak szybko po ostatnim zlodowaceniu nastąpiła ponowna ekspansja. Niektórzy lingwiści i archeolodzy uważają, że wzrost głównych światowych rodzin językowych towarzyszył neolitycznej rewolucji rolnej z ostatnich 5000–7000 lat[217]. Jednakże datowanie genetyczne sugeruje ponowną ekspansję w okresie mezolitu (tzn. 12 500 lat temu), czyli sporo wcześniej przed neolitem[218].



Rysunek 4.5. Rozkład linii trzech męskich założycieli – Abla, Kaina i Seta – wśród etnicznych grup Eurazji. Set przeważa wszędzie, ale w Indiach – prawdopodobnie w wyniku eksplozji Toby – osiąga prawie 100%. Ekstremalny dryf w stronę Seta pojawia się również w Azji Północno-Zachodniej. Wysoka liczebność genów Kaina w Azji Północno-Wschodniej i Australii oraz Abla w Tybecie, na Andamanach i w Japonii może być wynikiem dryfu. Zgadzałoby się to z niemal lokalnym wymarciem po wybuchu Toby i zasiedleniem wschodniego wybrzeża przez Seta.

Zdumiewającym aspektem szlaku Abla jest wielka przerwa w rozproszeniu między Eurazją Zachodnią i Dalekim Wschodem i –

co warto podkreślić – całkowita nieobecność w Indiach (rysunki 4.4. i 4.5). Wiadomo, że był na szlaku przeszukiwaczy plaż, na co wskazuje obecność azjatyckiego YAP na Andamanach, w Kambodży i Japonii (zob. rozdział 5). Najnowsze dowody ujawniają ślady azjatyckiego YAP na poziomie 3–6% obok zachodniego YAP występującego z podobną częstotliwością dalej na północ od szlaku plaż w Azji Środkowej (w Uzbekistanie). To zwierciadlane odbicie szlaku Kaina, który, choć nie całkiem nieobecny w Indiach, występuje tam o wiele rzadziej niż w północnej części Azji Środkowej. Ponieważ azjatycki YAP, choć rzadko, jednak występuje obok szlaku, a dalej nań wraca, jego nieobecność w Indiach i nader niską liczebność w Azji Południowej możemy wyjaśnić katastrofalnym wpływem wybuchu Toby na subkontynent indyjski, jak to sugeruje geologia i żeńska historia genetyczna (zob. powyżej). Erupcja i jej konsekwencje mogły przyczynić się do powstania genetycznego wąskiego gardła w Indiach, które spowodowało dominujące lokalne odrodzenie linii Seta kosztem jego dwóch braci przeszukiwaczy plaż, Kaina i Abla[219].

TRZY AZJATYCKIE LINIE ZAŁOŻYCIELSKIE: WYŁĄCZNIE PRZESZUKIWACZE PLAŻ

Czy wiedząc o trzech podstawowych pozaafrykańskich liniach męskich, możemy zadać to samo pytanie w sprawie znaczników jądrowych i mitochondrialnych dla najwcześniejszej trasy rozproszenia poza Afrykę? Myślę, że tak. Datowanie gałęzi Y pozostaje jeszcze w powijakach, ale pozwala uzyskać obraz geograficznego następstwa gałęzi, jeżeli przyjrzymy się geograficznemu rozmieszczeniu przodków i potomków. Na tym polega podejście filogenetyczne. Przyjrzyjmy się najpierw Kainowi. Jako że jego rozprzestrzenienie wśród wszystkich australijskich typów Y-chromosomowych sięga 60%, jest na pewno linią dominującą. Na wschodnioindonezyjskich wyspach archipelagu Moluków i Nusa Tenggara, skąd pierwsi przeszukiwacze plaż musieli

przeskoczyć do Australii, znajdujemy podstawowy lub niewiele zmieniony typ Kaina, od którego musi się wywodzić unikatowy typ australijski. Jedynym miejscem na świecie, w którym poza tym znaleziono ów podstawowy typ Kaina, są Indie, gdzie występuje w niewielkich ilościach, w tym wśród australoidalnych grup plemiennych. Na sąsiedniej wyspie Nowej Gwinei odkryto braterską grupę australijskiego typu Kainowego, C2. Gdy przyglądamy się wczesnemu osadnictwu, widzimy nieobecność Kaina w Eurazji Zachodniej i jego rosnącą powszechność w kierunku wschodnich i północnych Indii. Analiza częstotliwości linii Kainowej pokazuje najpowszechniejsze występowanie na wschodnioazjatyckim i południowoazjatyckim wybrzeżu Pacyfiku, a znacznie rzadsze w środkowej części kontynentu oraz na północy i południu Azji. Typy azjatyckie należą głównie do jednego pochodnego klanu, który później przewędrował do Ameryki jako założycielski, choć odnotowujemy pewną większą różnorodność w Japonii[220].

Silne różnice regionalne w rozmieszczeniu Kaina i jego potomków na wybrzeżu wschodnioazjatyckim w Azji Południowo-Wschodniej i Oceanii (rysunek 4.5) sugerują, że był on liczbowo najważniejszym męskim założycielem na początkowej, wokółazjatyckiej trasie przeszukiwaczy plaż, choć jest oczywiste, że niejedynym, gdyż dwaj jego bracia również dotarli wzdłuż wybrzeża do Azji Wschodniej i Japonii. Tylko jeden z dwóch pozostałych męskich typów założycielskich – Set – dotarł do Australii, jak również do Azji Południowo-Wschodniej trasą wzdłuż wschodnioazjatyckiego wybrzeża. Wynika to z jego rzadkiego występowania w formie bazowej i dziedziczonej na wszystkich tych obszarach. W Australii występują dwa dziedziczne typy Y: jeden pochodzi od Kaina (zob. wyżej), jest najpowszechniejszy, występuje u ponad 60% populacji; drugi wywodzący się od genetycznego syna Seta, Kryszny, obejmuje około 30%. Rozpowszechnienie Kryszny utrzymuje się z odchyleniami mniej więcej w całej Azji Południowo-Wschodniej wśród państw wybrzeża aż po Koreę. Jednakże linia dziedziczna Seta z kilkuprocentową liczebnością trwa przez Azję Południowo-Wschodnią i Australię, a także występuje na wybrzeżu Pacyfiku po

Koreę. Te wzorce silnie sugerują, że pierwsza trasa przeszukiwaczy plaż wiodła nie tylko do Nowej Gwinei i Australii, lecz także wzdłuż wybrzeża do Chin, Japonii i Korei. Trzecia bazowa linia Y, azjatycka YAP, sięgnęła aż do Kambodży, ale najwyraźniej nie dotarła do Australii, zamiast tego posunęła się dalej wzdłuż pacyficznego wybrzeża Indii i nielicznie pojawiła się w Azji Południowo-Wschodniej, a liczniej – w Tybecie, południowych Chinach i w Japonii[221].

Ten obraz pierwszych męskich przeszukiwaczy plaż jest odbiciem żeńskich linii mtDNA i mówi nam wiele, aczkolwiek nie wprost, o tożsamości i wieku pierwszych męskich linii założycielskich. Według naszych przewidywań gdzieś na początku południowego szlaku, jeszcze przed jego rozwidleniem, powinniśmy znaleźć razem trzy najstarsze linie nieafrykańskie. Arabia Południowa i rejon Zatoki Perskiej są wciąż badane, ale trzy założycielskie linie męskie odnotowujemy jeszcze w Pakistanie i w Indiach. Potrafimy znaleźć bazę (pień) i gałęzie Kaina, a także jego genetycznych synów i wnuków. Możemy nawet odkryć kilka unikatowych typów YAP z gałęzi YAP normalnie obserwowanych jedynie w Afryce i w Eurazji Zachodniej[222].

Nigdzie więcej poza Afryką nie znajdziemy takiej różnorodności głębokich korzeni i gałęzi Y poza – w znacznie mniejszym stopniu – Azją Środkową i Północną. Ten obraz Azji Środkowej jako strefy przejściowej między Wschodem i Zachodem narodził się z bogatego zmieszania europejskich i azjatyckich żeńskich linii genetycznych mtDNA, znajdowanych w tym regionie, co sugeruje, że do jednego z pierwszych rozdzieleń po przybyciu do Indii przyczyniła się podróż wzdłuż Indusu do Azji Środkowej. Ta wczesna śródlądowa wędrówka będzie jednym z głównych tematów następnego rozdziału.

Podsumowując, zauważmy, że rejon Azji Południowej, pierwsza ojczyzna jedynego zakończonego powodzeniem południowego wyjścia z Afryki, pokazuje genetyczne korzenie tej ekspansji nie tylko wśród aborygeńskich ludów wokół Oceanu Indyjskiego, lecz także w masie nowoczesnych populacji. Wśród tych korzeni możemy wyśledzić bazy genetyczne dla najdalej na zachód sięgających

kolejnych pionierskich wędrówek śródlądowymi szlakami rozległego kontynentu eurazjatyckiego. Po przerwie ci wędrowcy ruszyli do Europy, na Kaukaz i do Azji Środkowej. Wydaje się, że awangarda szlaku przeszukiwaczy plaż zdumiewająco zachowała proporcje oryginalnej genetycznej różnorodności pozostałej w grupie pozaafrykańskiej i raczej szybciej posunęła się wokół wybrzeży Oceanu Indyjskiego. Na tyle szybko, by obejść dookoła Indonezję i przez Oceanię dotrzeć do Australii, na długo przed pojawieniem się ich pierwszych kuzynów w Europie.

Bardzo ważna jest dokładna czasowa kolejność zdarzeń wyjścia z Afryki, późniejszego dotarcia do Azji Południowo-Wschodniej i wybuchu wulkanu Toba 74 000 lat temu. Po pierwsze, wybuch Toby jest najdokładniej datowanym zdarzeniem z okresu paleolitu, a warstwy jego opadłych popiołów służą do datowania zdarzeń w całej południowej Azji. Po drugie, będąca bezpośrednim skutkiem opadu popiołów Toby nieunikniona „zima nuklearna" mogła nieść fatalne skutki dla każdego życia na swej drodze i oddziaływać na znacznie rozleglejszym obszarze. Obecność w popiołach Toby na Półwyspie Malajskim narzędzi, które przypisujemy ludziom rozumnym, sugeruje, że awangarda przeszukiwaczy plaż dotarła na Daleki Wschód przed erupcją. Ta data w połączeniu z innymi zebranymi dowodami potwierdza omawiany scenariusz. Nowe kluczowe elementy tej oceny to datowanie czaszki z Liujiang, luminescencyjne datowania z Australii, data najniższego poziomu morza otwierającego przejście do Australii przed 70 000 lat, genetyczne daty ekspansji grupy L3 przed 83 000 lat i początek znacznego zasalania Morza Czerwonego przed 80 000 lat. Najlepszym dowodem obecności ludzi rozumnych w Azji byłyby rzeczywiste szczątki kopalne i datowanie ich wraz z otoczeniem. Prace nad tym trwają na stanowisku w jaskini Liang Bua na wyspie Flores.

Zatem jeżeli Toba naprawdę wybuchł po pierwszej kolonizacji Indii, powinniśmy oczekiwać masowego wymarcia na Półwyspie Indyjskim, co naturalnie miało większy wpływ na wschodzie niż na zachodzie. Jest to oczywiście jedna z interpretacji indyjskiego paradoksu genetycznego, pozwalającego nam wyśledzić genetyczną ścieżkę

przeszukiwaczy plaż, lecz masa indyjskich podgrup Manju i Rohani jest unikatowa dla subkontynentu, zwłaszcza wśród szczepów na południowym wschodzie. Tego mogliśmy się spodziewać po odradzaniu się życia po wielkiej katastrofie. Najstarsze z lokalnych linii są datowane na mniej więcej 73 000 lat temu.

W następnym rozdziale zobaczymy, co pionierzy zdziałali po przybyciu na północ i wschód kontynentu azjatyckiego i jak się tam dostali.

169 Pełna dyskusja o podejściu filogeograficznym i analizie założycielskiej zob. Richards M. et al., *Phylogeography of mitochondrial DNA in western Europe*, „American Journal of Human Genetics" 1998, nr 67, s. 241–260; Richards M. et al., *Tracing European founder lineages in the Near Eastern mtDNA pool*, „American Journal of Human Genetics" 2000, nr 67, s. 1251–1276.

170 Richards M. et al., *Extensive female-mediated gene flow from sub-Saharan Africa into Near Eastern Arab populations*, „American Journal of Human Genetics" 2003, nr 72, s. 1058–1064. Indie miały również tzw. grupy protoazjatyckie, takie jak Maria Gond, Khonda Dora i Kattuniaken. Niektóre z nich, np. Munda/Mundari, wywodzą się prawdopodobnie z późniejszych wschodnich i zachodnich populacji, które ponownie wkroczyły z Indochin – zob. rys. 14 i 21 w: Oppenheimer S.J., *Eden in the East*, Weidenfeld & Nicolson, London 1998. Po antropologiczne/genetyczne opisy indyjskich grup aborygeńskich warto sięgnąć do: Watkins W.S. et al., *Multiple origins of the mtDNA 9-bp deletion in populations of South India*, „American Journal of Physical Anthropology" 1999, nr 109, s. 147–158; Watkins W.S. et al., *Patterns of ancestral human diversity: An analysis of Alu- insertion and restriction-site polymorphisms*, „American Journal of Human Genetics" 2001, nr 68, s. 738–752. Na temat osiedlania się przodków z Afryki na plażach zob.: Kivisild T. et al., *The genetic heritage of the earliest settlers persists both in Indian tribal and caste populations*, „American Journal of Human Genetics" 2003, nr 72, s. 313–332.

171 O tych grupach wśród Andamańczyków zob. Endicott P. et al., *The genetic origins of the Andaman Islanders*, „American Journal of Human Genetics" 2003, nr 72, s. 178–184; Thangaraj K. et al., *Genetic affinities of the Andaman Islanders, a vanishing human population*, „Current Biology" (wydanie online, 26 listopada 2002). O najpowszechniejszym składniku mtDNA wśród indyjskich grup aborygeńskich zob. Kivisild T. et al., op. cit., o typach Y wśród Andamańczyków – Thangaraj K. et al., op. cit.

172 Hill C. et al., *Mitochondrial DNA variation in the Orang Asli of the Malay Peninsula* (w przygotowaniu). O podobnych haplotypach Pre-Fl u Andamańczyków

i mieszkańców Nikobarów zob. – andamańskie haplotypy 9 i 10 i nikobarski haplotyp 1 – w: Thangaraj K. et al., op. cit.; Prasad B.V. et al., *Mitochondrial DNA variation in Nicobarese Islanders*, „Human Biology" 2001, nr 73, s. 715–725.

173 Linie mtDNA Nasreen i Manju w Nowej Gwinei i Australii (zob. także rys. 8.2 w Dodatku 1): Nowa Gwinea ma trzy główne klady mtDNA, oznaczone jako PNG 1–3 w: Redd A.J., Stoneking M., *Peopling of Sahul: mtDNA variation in Aboriginal Australian and Papua New Guinean populations*, „American Journal of Human Genetics" 1999, nr 65, s. 808–828. Oznaczenia tych trzech kladów w pracy powyższej korespondują z nomenklaturą używaną w tej książce (tabela 8.1 w Dodatku 1) w następujący sposób. PNG1 = haplogrupa B (z haplogrupy R); PNG2 = lokalna podgrupa (haplogrupy R, a także grupy P w: Forster P. et al., *Asian and Papuan mtDNA evolution*, w: P. Bellwood, C. Renfrew (red.), *Examining the Farming/Language Dispersal Hypothesis*, McDonald Institute for Archaeological Research, Cambridge 2003, s. 89–98); PNG3 = Q w: ibid. oraz M1l w: Richards M., Macaulay V., *Genetic data and colonization of Europe: Genealogies and founders*, w: C. Renfrew, K. Boyle (red.), *Archaeogenetics: DNA and the Population Prehistory of Europe*, McDonald Institute for Archaeological Research, Cambridge 2000, s. 139–141, rys. 14.1. Te trzy klady mogą być również niedwuznacznie potwierdzone przez odczytanie danych z kilku innych publikacji, np. PNG2 = haplotypy 6–8 i PNG3 – haplotyp 22, w: Ingman M. et al., *Mitochondrial genome variation and the origin of modern humans*, „Nature" 2000, nr 408, s. 708–713; PNG1 = haplogrupa 1 i PNG3 = haplogrupa 2, w: Sykes B. et al., *The origins of the Polynesians: An intepretation from mitochondrial lineage analysis*, „American Journal of Human Genetics" 1995, nr 57, s. 1463–1475. Dalsze szczegóły dotyczące Papui – zob. również Forster P. et al., op. cit. Linie australijskie są raczej gorzej scharakteryzowane, ale Redd i Stoneking (op. cit.) zgrupowali je raczej z azjatyckimi (zwłaszcza indyjskimi – w sposób raczej słabo uzasadniony) niż afrykańskimi (zob. np. rys. 4). Zob. także Ingman M. et al. (op. cit.), którzy pokazali, że haplogrupy 2 i 3 formują unikatową podgrupę N, a haplogrupa 23 należy do unikatowego typu M. Jak dotąd nie znaleziono australijskich linii nienależących ani do N, ani do M.

174 Linie mtDNA Nasreen i Manju w Nowej Gwinei i Australii (zob. także rys. 8.2 w Dodatku 1): Nowa Gwinea ma trzy główne klady mtDNA, oznaczone jako PNG 1–3 w: Redd A.J., Stoneking M., *Peopling of Sahul: mtDNA variation in Aboriginal Australian and Papua New Guinean populations*, „American Journal of Human Genetics" 1999, nr 65, s. 808–828. Oznaczenia tych trzech kladów w pracy powyższej korespondują z nomenklaturą używaną w tej książce (tabela 8.1 w Dodatku 1) w następujący sposób. PNG1 = haplogrupa B (z haplogrupy R); PNG2 = lokalna podgrupa (haplogrupy R, a także grupy P w: Forster P. et al., *Asian and Papuan mtDNA evolution*, w: P. Bellwood, C. Renfrew (red.), *Examining the Farming/Language Dispersal Hypothesis*, McDonald Institute for

Archaeological Research, Cambridge 2003, s. 89–98); PNG3 = Q w: ibid. oraz M1l w: Richards M., Macaulay V., *Genetic data and colonization of Europe: Genealogies and founders*, w: C. Renfrew, K. Boyle (red.), *Archaeogenetics: DNA and the Population Prehistory of Europe*, McDonald Institute for Archaeological Research, Cambridge 2000, s. 139–141, rys. 14.1. Te trzy klady mogą być również niedwuznacznie potwierdzone przez odczytanie danych z kilku innych publikacji, np. PNG2 = haplotypy 6–8 i PNG3 – haplotyp 22, w: Ingman M. et al., *Mitochondrial genome variation and the origin of modern humans*, „Nature" 2000, nr 408, s. 708–713; PNG1 = haplogrupa 1 i PNG3 = haplogrupa 2, w: Sykes B. et al., *The origins of the Polynesians: An intepretation from mitochondrial lineage analysis*, „American Journal of Human Genetics" 1995, nr 57, s. 1463–1475. Dalsze szczegóły dotyczące Papui – zob. również Forster P. et al., op. cit. Linie australijskie są raczej gorzej scharakteryzowane, ale Redd i Stoneking (op. cit.) zgrupowali je raczej z azjatyckimi (zwłaszcza indyjskimi – w sposób raczej słabo uzasadniony) niż afrykańskimi (zob. np. rys. 4). Zob. także Ingman M. et al. (op. cit.), którzy pokazali, że haplogrupy 2 i 3 formują unikatową podgrupę N, a haplogrupa 23 należy do unikatowego typu M. Jak dotąd nie znaleziono australijskich linii nienależących ani do N, ani do M.

175 Roberts R.G., Jones R., *Chronologies of carbon and of silica: Evidence concerning the dating of the earliest human presence in Northern Australia*, w: P.V. Tobias et al. (red.), *Humanity from African Naissance to Coming Millennia*, Florence University Press, Firenze – Witwatersrand University Press, Johannesburg 2001, s. 239–248. Na temat ograniczeń datowania metodą radiowęglową zob. ibid., także przypis 7 w rozdziale 3. Dla stanowiska Malakunanja II i sąsiedniego Nauwalabila I Roberts i Jones później otrzymali podobne daty: Roberts R.G. et al., *Thermoluminescence dating of a 50,000 year-old human occupation site in northern Australia*, „Nature" 1990, nr 345, s. 153–156; Roberts R.G. et al., *The human colonisation of Australia: Optical dates of 53,000 and 60,000 years bracket human arrival at Deaf Adder Gorge, Northern Territory*, „Quaternary Science Reviews (Quaternary Geochronology)" 1994, nr 13, s. 575–583.

176 Fullagar R.L.K. et al., *Early human occupation of northern Australia: Archaeology and thermoluminescence dating of Jinmium rock-shelter, Northern Territory*, „Antiquity" 1996, nr 70, s. 751–773; Roberts R.G. et al., *Thermoluminescence dating*..., op. cit.; Roberts R.G. et al., *The human colonisation*..., op. cit.; Roberts R.G. et al., *Optical dating of single and multiple grains of quartz from Jinmium rock shelter, northern Australia: Part II, results and implications*, „Archaeometry" 1999, nr 41, s. 365–395. Po ukończeniu badań stanowiska Jinmium Roberts i Jones ponownie analizowali dwie kluczowe próbki z pokładów Malakunanja II za pomocą tej samej optycznej metody datowania na pojedynczym ziarnie kwarcu. Uzyskane wyniki potwierdziły ustalone poprzednio

dla początkowego zasiedlenia przez ludzi stanowiska Malakunanja II, ale nieco podniosły wiek artefaktów z najniższej, najstarszej warstwy – do 61 000 lat: Roberts R. et al., *Single-aliquot and single-grain optical dating confirm thermoluminescence age estimates at Malakunanja II rock shelter in northern Australia*, „Ancient Thermoluminescence" 1998, nr 16, s. 19–24.

177 Simpson J.J., Grim R., *Non-destructive gamma spectrometric U-series dating*, „Quaternary Science Reviews (Quaternary Geochronology)" 1998, nr 17, s. 1009–1022; Thorne A. et al., *Australia's oldest human remains: Age of the Lake Mungo 3 skeleton*, „Journal of Human Evolution" 1999, nr 36, s. 591–612; Chappell J., *A revised sea-level record for the last 300,000 years from Papua New Guinea*, „Search" 1983, nr 14 (3/4), s. 99–101.

178 Chappell J., op. cit.

179 Na temat kolonizacji wyspy Manus zob. Anderson A.J., *Slow boats from China: Issues in the prehistory of Indo-Pacific seafaring*, w: P.M. Veth, S. O'Connor (red.), *East of Wallace's Line: Studies of Past and Present Maritime Cultures of the Indo-Pacific Region, Modern Quaternary Research in Southeast Asia*, t. 16, Balkema, Rotterdam 2000, s. 13–50, tu s. 17. Na temat przypadkowego dryfu – Stoneking M. et al., *Geographic variation in human mitochondrial DNA from Papua New Guinea*, „Genetics" 1990, nr 124, s. 717–733. Daty za: Redd A.J., Stoneking M., op. cit.

180 Na temat najstarszych australijskich wykopalisk, np. suchego jeziora Mungo, zob. rozdział 3 w: Flood J., *Archaeology of the Dreamtime*, Collins, Australia 1995. O plaży i niskim poziomie wody: Chappell J., op. cit.

181 Trasy morskie do Australii i Nowej Gwinei oraz widoczność z wyspy na wyspę omawia: Irwin G., *The Prehistoric Exploration and Colonisation of the Pacific*, Cambridge University Press 1994, s. 18–30.

182 Daty: 76 507 lat dla górali PNG (PNG 2 i 3); 95% CI = 55 663–97 350 lat, za: Redd A.J., Stoneking M., op. cit. Argument o skolonizowaniu Nowej Gwinei przed Australią jest wysoce spekulatywny, gdyż dokładność datowania genetycznego nie jest najlepsza i najwcześniejsza potwierdzona data kolonizacji Nowej Gwinei to wciąż tylko 40 000 lat temu. Zob. Groube L. et al., *A 40,000-year-old human occupation site at Huon Peninsula, Papua New Guinea*, „Nature" 1986, nr 324, s. 453–455.

183 Morwood M. et al., *The archaeology of land use: Evidence from Liang Bua, Flores, East Indonesia*, paper presentated at the 17th Congress of the Indo-Pacific Prehistory Association, 9–15 September 2002,Taipei,Taiwan.

184 Mishra S., *The chronology of the Indian Stone Age: Impact of recent absolute and relative dating attempts*, „Man and Environment" 1995, nr 20 (2), s. 11–17; zob. także dyskusje w rozdziałach 1 i 2 (s. 87, 118) na temat mikrolitów ze Sri Lanki. O narzędziach ze środkowego paleolitu zob. Amirkhanov H., *Research on the Palaeolithic and Neolithic of Hadramaut and Mahra*, „Arabian Archaeology and Epigraphy" 1994, nr 5, s. 217–228. Narzędzia kamienne podobne do używanych w Afryce w średniej epoce kamienia jeszcze nie są datowane, zob. McClure H.A., *A new Arabian stone tool assemblage and note on the Aterian industry of North Africa*, „Arabian Archaeology and Epigraphy" 1994, nr 5, s. 1–16. Północnoafrykańskie wytwórstwo dotyczy kultury aterskiej, która rozprzestrzeniła się aż po zachodni skraj egipskich pustyń i jest z grubsza datowana na 90 000 tysięcy lat temu lub więcej – McBrearty S., Brooks A.S., *The revolution that wasn't: A new interpretation of the origin of modern human behavior*, „Journal of Human Evolution" 2000, nr 39, s. 453–563.

185 Podobne wielkie jednostronne lub dwustronne narzędzia otoczakowe z kwarcytu sklasyfikowane jako topory modu 1/2 zostały znalezione w południowym Jemenie. Ponieważ są znaleziskami powierzchniowymi bez datowania, przypisano im te same atrybuty co wcześniejszym gatunkom ludzkim. Zob. Whalen N.M., Schatte K.E., *Pleistocene sites in southern Yemen*, „Arabian Archaeology and Epigraphy" 1997, nr 8, s. 1–10. Na temat próby odniesienia narzędzi do wielkiej erupcji zob. Harrison T., *Tampan: Malaysia's Palaeolithic reconsidered*, w: G.-J. Bartstraand, W.A. Casparie (red.), *Modern Quaternary Research in Southeast Asia*, t. 1, Balkema, Rotterdam 1975, s. 53–70; Heimann J.M., *The Most Offending Soul Alive: Tom Harrison and His Remarkable Life*, University of Hawaii Press, Honolulu 1999.

186 Majid Z., Tjia H.D., *Kota Tampan, Perak: The geological and archaeological evidence for a late Pleistocene site*, „Journal of the Malaysian Branch of the Royal Asiatic Society" 1988, nr 61, s. 123–134; Majid Z., *Radiocarbon dates and culture sequence in the Lenggong Valley and beyond*, „Malaysia Museums Journal" 1998, nr 34, s. 241–249. Koniec kultury Doliny Lenggong mógł nastąpić zaledwie 4000 lat temu (np. w wieku żelaza w tym regionie), jeżeli wziąć pod uwagę „efekt starego węgla" w zasobnych w świeżą wodę formacjach krasowych (David Bulbeck, 2002, informacja osobista).

187 Z odbiciem łupków tylko z jednej strony, w wyniku czego krawędź tnąca powstawała na przecięciu pierwotnej, naturalnej powierzchni kamienia – przyp. tłum.

188 Bellwood P., *Prehistory of the Indo-Malaysian Archipelago*, wydanie poprawione, University of Hawaii Press, Honolulu 1997, s. 68; Bowdler S., *The earliest Australian stone tools and implications for Southeast Asia*, „Indo-Pacific Prehistory Association Bulletin" 1992, nr 12, s. 10–22. Opis południowoazjatyckich

i australijskich narzędzi paleolitycznych jako „surowych" lub z gruba ciosanych jest bardziej rozpowszechniony wśród archeologów pracujących w Europie lub w Afryce. Przypisywanie takiego określenia jest często traktowane przez archeologów z Australazji jako biologicznie zdeterminowany i europocentryczny osąd wartości. Na temat narzędzi z Doliny Lenggong zob. Majid Z., op. cit.; o człowieku z Perak: Majid Z. (red.), *The Excavation of Gua Gunung Runtuh and the Discovery of the Perak Man in Malaysia*, Department of Museums and Antiquity, Malaysia 1994. Miał on około 10 000 lat lub zaledwie 7000–8000 lat, jeżeli ponownie weźmiemy pod uwagę „efekt starego węgla" w otoczeniu świeżej wody w formacjach krasowych, zatem człowiek z Perak ma zapewne nieco mniej niż 10 000 lat (David Bulbeck, 2002, informacja osobista).

189 O dwóch rodzajach narzędzi, tj. toporze i złożonym narzędziu do rozszczepiania, zob. Shutler R. Jr, *Hominid cultural evolution as seen from the archaeological evidence in Southeast Asia*, materiały z konferencji na temat archeologii w Azji Południowo-Wschodniej, Hong Kong University Museum, Hongkong 1995. W tej publikacji Shutler wykorzystuje bardzo wczesne daty kamiennej kultury z Pacitanu na Jawie. Bowdler w swoim przeglądzie (np. op. cit.) również zdaje się twierdzić, że pojawienie się jakichkolwiek narzędzi w Azji Południowo-Wschodniej i na antypodach zbiega się z obecnością ludzi rozumnych w tym regionie. Artefakty z Pacitanu na Jawie i Cabenge w Sulawesi mogą zatem wskazywać na migrację ludzi współczesnych do wyspiarskiej Azji Południowowo-Wschodniej wcześniej niż 74 000 lat temu: Keates S. i Bartstra G.-J., *Observations on Cabengian and Pacitanian artefacts from Island Southeast Asia*, „Quärtar" 2001, t. 51/52, s. 9–32.

190 Bellwood P., op. cit., s. 68, 160, 168, 316.

191 Analiza geochemiczna pokazuje, że popioły z Kota Tampan należą do wielkiej erupcji sprzed 74 000 lat, która pokryła również Indie – Shane P. et al., *New geochemical evidence for the youngest Toba tuff in India*, „Quaternary Research" 1995, nr 44, s. 200–204; Westgate J.A. et al., *All Toba tephra occurrences across peninsular India belong to the 75,000 year bp eruption*, „Quaternary Research" 1998, nr 50, s. 107–112; Acharya S.K., Basu P.K., *Toba ash on the Indian subcontinent and its implications for correlation of Late Pleistocene alluvium*, „Quaternary Research" 1993, nr 40, s. 10–19. Acharya i Basu odnotowali, że narzędzia zarówno z górnego, jak i środkowego paleolitu pojawiają się w warstwach popiołów z Toby.

192 Zob. np. dyskusję w: Bulbeck D., *Holocene biological evolution of the Malay Peninsula aborigines (Orang Asli)*, „Perspectives in Human Biology" 1996, nr 2, s. 37–61; idem, *Current biological research on Southeast Asia's Negritos*, „SPAFA Journal" 1999, nr 9(2), s. 14–22; Rayner D., Bulbeck D., *Dental morphology of the "Orang Asli" aborigines of the Malay Peninsula*, w: M. Henneberg (red.),

Causes and Effects of Human Variation, Australasian Society for Human Biology, University of Adelaide 2001, s. 19–41.

193 Hill C. et al., *Mitochondrial DNA variation in the Orang Asli of the Malay Peninsula*, w: The Fourth Meeting of the Human Oigins and DiseaseSeries, X–XI 202, Cold Spring Harbor, NY: Cold Spring Harbor Laboratory Press.

194 Wynik datowania uranowego 67 000 lat: +6000–5000 (za: Wu X., *The origin and dispersal of anatomically modern humans in East and Southeast Asia*, w: T. Akazawa et al. (red.), *The Evolution and Dispersal of Modern Humans in Asia*, Hokusen-sha, Tokyo 1992, s. 373–378), został zakwestionowany: Brown P., *The first modern East Asians? Another look at Upper Cave 101, Liujiang and Minatogawa 1*, w: K. Omoto (red.), *Interdisciplinary Perspectives on the Origins of the Japanese*, International Research Center for Japanese Studies, Kyoto 1999, s. 105–130. Na temat publikacji zespołu chińskiego zob. Shen Guanjun et al., *U-series dating of Liujiang hominid site in Guanxi, Southern China*, „Journal of Human Evolution" 2002, nr 43, s. 817–829; zob. także komentarz w Science News Online 21 grudnia 2002. Shen i wsp. (ibid.) idą nawet dalej, sugerując, że starsze daty, jeżeli okażą się prawdziwe, mogą zwiększyć prawdopodobieństwo, iż nieudany exodus do Lewantu 120 000 lat temu może nie był całkowicie bezowocny. Dokładna odpowiedź będzie musiała poczekać na bezpośrednie datowanie czaszki lub jej kalcytowych nacieków.

195 Zob. omówienie i odsyłacze w przypisie 4. Na temat wielkich badań chromosomu Y zob.: Hammer M.E. et al., *Hierarchical patterns of global human Y-chromosome diversity*, „Molecular Biology and Evolution" 2001, nr 18(7), s. 1189–1203; Underhill P.A. et al., *Y-chromosome sequence variation and the history of human populations*, „Nature Genetics" 2000, nr 26, s. 358–361; Kayser M. et al., *Independent histories of human Y chromosomes from Melanesia and Australia*, „American Journal of Human Genetics" 2001, nr 68, s. 173–190. Por. również dyskusję na temat prehistorycznego mtDNA pobranego ze szczątków topornego ludzkiego KS8 w przypisie 6. Ten sam wzór pokazują znaczniki genetyczne, tzn. znaczniki jądrowe. Najlepszym widocznym przykładem tego zjawiska jest ogólnoświatowe badanie wstawek sekwencji Alu, dzięki którym łączące sąsiadów drzewo z jedną gałęzią z Afryki daje początek reszcie świata, pokazując Pakistańczyków, Nowogwinejczyków i Australijczyków w pobliżu gałęzi początkowej. Jeżeli antypody zostały zaludnione przez oddzielne migracje, powinny powstać oddzielne drzewa z korzeniami w Afryce. Zob. rys. 2 w: Stoneking M. et al., *Alu insertion polymorphisms and human evolution: Evidence for a larger population size in Africa*, „Genome Research" 1997, nr 7, s. 1061–1071. O indywidualnych drzewach genetycznych zob. także Tishkoff SA et al., *Global patterns of linkage disequilibrium at the CD4 locus and modern human origins*, „Science" 1996, nr 271, s. 1380–1397; Alonso S., Armour J.A.L., *A highly variable segment of human subterminal 16p reveals a history of population*

growth for modern humans outside Africa, „Proceedings of the National Academy of Sciences USA" 2001, nr 98, s. 864–869. Daty oszacowane dla afrykańskiego klastra ekspansji L3: 77 000 ± 2400 lat, za: Watson E. et al., *Mitochondrial footprints of human expansions in Africa*, „American Journal of Human Genetics" 1997, nr 61, s. 691–704. To oszacowanie może być teraz zrewidowane dzięki poprawionej rozdzielczości drzewa wokół węzła L3. Bardziej aktualne oszacowanie wieku 83 000 lat (Oppenheimer, S.J. niepublikowane, ale znów z użyciem współczynnika *rho*) można wyliczyć dzięki użyciu kompletnej sekwencji danych z: Ingman M. et al., op. cit. (metody *rho* uśredniają mutacje w gałęziach córek i mnożą przez skalibrowaną stałą – Forster P. et al., *Origin and evolution of Native American mtDNA variation: A reappraisal*, „American Journal of Human Genetics" 1996, nr 59, s. 935–945; Saillard J. et al., *mtDNA variation among Greenland Eskimos: The edge of the Beringian expansion*, „American Journal of Human Genetics" 2000, nr 67, s. 718–726). Ta metoda obliczeń pokazuje również, że zarówno M, jak i N oraz afrykańskie gałęzie L3 i L1c dokonały ponownej ekspansji około 70 000 lat temu, prawdopodobnie po ogólnoświatowym efekcie wybuchu wulkanu Toba (pokazanym na rysunku 8.2). Zob. także w Hill C. et al., op. cit. – ponowne oszacowanie wieku L3 na 83 500 lat za pomocą niezależnej metody opartej na maksymalnym prawdopodobieństwie.

196 Różne częstotliwości poza Afryką (warianty funkcjonowania genów jądrowych DNA) to np. haplotypy beta globiny RFLP, zob. Wainscoat J.S. et al., *Evolutionary relation ships of human populations from an analysis of nuclear DNA polymophisms*, „Nature" 1986, nr 319, s. 491–493. Na temat genu beta globiny zob. Harding R.M. et al., *Archaic African and Asian lineages in the genetic ancestry of modern humans*, „American Journal of Human Genetics" 1997, nr 60, s. 772–789. Na temat systemu GM – Walter H., *Populationsgenetik der Blutgruppensystems des Menschen,*E. Schweizer'bartsche Verlagsbuchhandlung, Stuttgart 1998. Chromosom X – Harris E.E., Hey J., *X chromosome evidence for ancient human histories*, „Proceedings of the National Academy of Sciences USA" 1999, nr 96, s. 3320–3324. Gen dystrofiny – Labuda D. et al., *Archaic lineages in the history of modern humans*, „Genetics" 2000, nr 156, s. 799–808. Na temat nieobecności specyficznych pakietów, np. wstawek Alu, zob. Stoneking M. et al., op. cit.

197 Zob. zwłaszcza Stoneking M. et al., op. cit.; Mountain J.L., Cavalli-Sforza L.L., *Inference of human evolution through cladistic analysis of nuclear DNA restriction polymorphisms*, „Proceedings of the National Academy of Sciences USA" 1994, nr 91, s. 6515–6519. Z drugiej strony należy przypomnieć, że: (a) afrykańska beta globina RFLP (haplotypy „– + – +" i „– – +") została znaleziona tylko w Oceanii, za: Wainscoat J.S. et al., op. cit.; (b) afrykańska beta globina (haplotypy C3 i A2) została znaleziona tylko na Papui-Nowej Gwinei i w Vanuatu, za: Harding R.M. et al., op. cit.; (c) allele Gm 7 (i 6) są najbliższe afrykańskiego 8

i najpowszechniejsze w Sahulu, podczas gdy allel 7 jest specyficzny dla Sahulu – tabela 5.2 w: Propert D., *Immunoglobin allotypes*, w: A.VS. Hill, S.W. Serjeantson (red.), *The Colonization of the Pacific: A Genetic Trail*, Clarendon Press, Oxford 1989, s. 194–214; (d) chromosom X: A, B, O, i D to haplogrupy wspólne dla Afryki i reszty świata, w Sahulu występują wszystkie haplogrupy z wyjątkiem B – Kaessmann H. et al., *DNA sequence variation in a non-coding region of low recombination on the human chromosome*, „Nature Genetics" 1999, nr 22, s. 78–81; (e) chromosom 21: Oceania dzieli z Afryką więcej haplotypów niż jakikolwiek inny region – Li Jin et al., op. cit.

198 Zob. rys. 2 w: Stoneking M. et al., op. cit. Arabia południowa jest w tym studium reprezentowana przez Zjednoczone Emiraty Arabskie. Zob. także rys. 2 w: Watkins W.S. et al., op. cit.

199 Te same znaczniki, tzn. nieafrykańskie „L3*" – zob. Richards M. et al., *Extensive female-mediated gene flow from sub-Saharan Africa into Near Eastern Arab populations*, „American Journal of Human Genetics" 2003, nr 72, s. 1058–1064. Populacje biorące udział w starożytnym exodusie nie musiały być afrykańskie i wywodzić się z L3, np. nieafrykańskie superklany L3*, M* i N*; ostatnie fale kolonizacji mogły wykluczyć „starsze" specyficzne gałęzie afrykańskie L1, L2 i specyficzne afrykańskie podgrupy L3 (definicje i nazewnictwo zob. ibid. oraz Richards M., Macaulay V., op. cit.; zob. także drzewo mtDNA na końcu tej książki, rys. 8.2). Jasne jest to, że w odróżnieniu od północnych Afrykanów i Lewantyńczyków ludy Hadramaut również przechowały korzenie większości głównych gałęzi eurazjatyckich superklanów M i N (konkretnie M*, M1, M2, M7, D, N1b, Rl, R2, X, F, Pre-HV, HV1, H, U*,U2, US, U7, J*, J1, J1b, J2, T*, T1 i K; dane za: Richards M. et al., op. cit. Na temat wyższej częstotliwości afrykańskich typów dziedzicznych zob. tabela 1 i rys. 2 w: Watkins W.S. et al., op. cit.

200 Odnosi się to do obu haplogrup U/HV oraz haplogrupy M, np. U2i, U7 i Pre-HV, jak również typów M: M*, M1, M2b, M4 i M-C. Zob. Kivisild T. et al., *The place of the Indian mitochondrial DNA variants in the global network of maternal lineages and the peopling of the Old World*, w: S.S. Papiha et al. (red.), *Genomic Diversity: Applications in Human Population Genetics*, Kluwer Academic/Plenum, New York 1999, s. 135–152. Na temat znacznika afrykańskiego chromosomu Y: 5a z haplotypu YAP + w miejscu zdefiniowanym przez Hammera jako PN1 za: Mehdi S.Q. et al., *The origins of Pakistani populations: Evidence from Y chromosome markers*, w: S.S. Papiha et al. (red.), *Genome Diversity: Applications in Human Populations*, Kluwer Academic/Plenum, New York 1999, s. 83–91. Hammer dowodzi, że obecność tego haplotypu (i typu jego przodka) w Arabii Saudyjskiej, Zjednoczonych Emiratach Arabskich i Iranie (oraz faktyczna nieobecność w Etiopii) wspiera jego pogląd, iż mutacja YAP+ pierwotnie pojawiła się poza Afryką – Altheide T.K., Hammer M.F., *Evidence for a possible Asian Origin of YAP+ Y chromosomes*, „American Journal of Human Genetics" 1997, nr 61, s. 462–426.

Pomimo to zgadzam się, że tradycyjny przeciwny pogląd – iż przedstawia to raczej późniejsze dopływy wynikające z handlu niewolnikami z Afryki subsaharyjskiej – jest nadal uzasadniony. Na temat pojawiania się poza Afryką tylko w tym regionie innego unikatowego znacznika (haplotyp 12 Underhilla) zob. Underhill P.A. et al., op. cit., wczesnych odgałęzień Adama, który wyszedł z Afryki: – haplotypy 90–91 Underhilla – ibid.; haplogrupy L – w: Kivisild T. et al., op. cit.; Wells R.S. et al., *The Eurasian heartland: a continental perspective on Y-chromosome diversity*, „Proceedings of the National Academy of Sciences USA" 2001, nr 98, s. 10244–10249.

201 Typy Rohani w próbce irackiej: H* (10), H(1–51) (17), HV* (8), HV1 (2), HV1a, HV1b, J* (6), J1 (3), J1b (S), J2, K* (2), K2 (2), Pre-HV (S), R* (3), R1, R2,T* (3),T1 (5),T2, U* (S), U1a, U2 (2), U3 (S), U3a, U4 (2), U5a1a, U6a*, U7 (3), U7a (n = 116). Na poprzedniej liście gwiazdka * wskazuje niesklasyfikowany haplotyp parafiletyczny. Dane z: Richards M. et al., *Tracing European founder lineages in the Near Eastern mtDNA pool*, „American Journal of Human Genetics" 2000, nr 67, s. 1251–1276.

202 Dla porównania różnorodności i wieku indyjskich typów U zob. Kivisild T. et al., op. cit.; Kivisild T. et al., *Deep common ancestry of Indian and Western-Eurasian mitochondrial DNA lineages*, „Current Biology" 1999, nr 9, s. 1331–1334). Kilka wczesnych nieafrykańskich grup genetycznych chromosomu Y, szczególnie haplogrup 3 i 9, omawiają: Quintana-Murci L. et al., *Y-chromosome lineages trace diffusion of people and languages in Southwestern Asia*, „American Journal of Human Genetics" 2001, nr 68, s. 537–542.

203 Na temat Hadramaut i stosunku Nasreen do Manju zob. powyżej i przypis 30 (różnorodność N również większa niż M), dane za: Richards M. et al., op. cit. zgodne z poglądem, że Nasreen pochodzi z dalszego zachodu niż Manju, z rejonu Zatoki Perskiej: typ węzła dla N nie został znaleziony w Indiach, Europie ani Lewancie, chociaż typy N* spotkano w Jemenie i Taszkiencie – dane za: Thomas M.G. et al., *Founding mothers of Jewish communities: Geographically separated Jewish groups were independently founded by very few female ancestors*, „American Journal of Human Genetics" 2002, nr 70, s. 1411–1420. W północno-środkowych/północno-wschodnich regionach Pendżabu i Uttar Pradesh stosunek obu linii wynosi 1:1, podczas gdy w Andhra Pradesh na wybrzeżu M przewyższa N w stosunku 2:1, dane za: Kivisild T. et al., op. cit.

204 W Tybecie i Azji Wschodniej podgrupy N: A, B, i F stanowią 31,5%, wschodnioazjatyckie podgrupy M: C, D, E i G zaś 36%, za: Torroni A. et al., *Mitochondrial DNA analysis in Tibet: Implications for the origins of the Tibetan population and its adaptaton to high altitude*, „American Journal of Physical Anthropology" 1994, nr 93, s. 189–199.

205 D. Bulbeck, op. cit.

206 Znaczna część tego akapitu nakreślona na podstawie: Kivisild T. et al., op. cit. Istnieją argumenty za tezą, że M mogła się narodzić dalej na zachód w Etiopii, mogłaby tego dowodzić znaleziona tam wielce różnorodna pojedyncza podgałąź M1 – Quintana-Murci L. et al., *Genetic evidence for an early exit of Homo sapiens sapiens from Africa through eastern Africa*, „Nature Genetics" 1999, nr 23, s. 437–441. Bliższe przyjrzenie się Etiopii pokazuje brak jakichkolwiek gałęzi M, które nie należałyby do M1 lub korzeni M (nie pochodnych), ani też siostrzanych korzeni N. Ponadto gdy M1 jest datowana w Etiopii na podstawie lokalnej różnorodności, okazuje się, że jej wiek to tylko około 12 500 lat – Kivisild T. et al., *A likely post-LGM impact of Western Asian maternal lineages to Eastern Africans*, materiały Cold Spring Harbor Symposium on Human Origins and Disease, październik 2000. Oznacza to, że linia M1 w Etiopii jest młodsza od ostatniego zlodowacenia, a więc prawdopodobnie potwierdza pojedyncze wkroczenie z powrotem z Azji Południowej.

207 Na temat rozproszenia innych klanów Europy: U1, U3–U6 zob. Kivisild T. et al., op. cit., rozproszenia pierwszego pokolenia jej córek: X, I, a zwłaszcza W – ibid.

208 Łącznie z klanami HV i JT – Kivisild T. et al., op. cit.; Kivisild T. et al., *The emerging limbs and twigs of the East Asian mtDNA tree*, „Molecular Biology and Evolution" 2002, nr 19(10), s. 1737–1751. Jeśli chodzi o haplogrupy F i B, zob. pełną sieć genetyczną w: Richards M., Macaulay V., op. cit.

209 Kivisild T. et al., op. cit.

210 Można by ją określić jako „M168*" (za: Underhill P.A. et al., op. cit.), ale *wszyscy* członkowie kladu M168 należą do jednej z trzech gałęzi. Na temat Kaina, Abla i Seta: odpowiednio M130 (C lub RPS4Y), M1 (D'E lub YAP) i M89 (lub F), ibid. Te trzy linie i ich potomne są oznakowane na przynajmniej sześć różnych sposobów według systemów różnych badaczy, więc trzeba nadać im jakieś rozpoznawalne i konsekwentne nazwy. Wybrałem system znaczników (z wyjątkiem odwoływania się do poszczególnych haplotypów zdefiniowanych w cytowanych pracach i przypisach końcowych) i haplotypów określonych w publikacji: The Y Chromosome Consortium, *A nomenclature system for the tree of human Y-chromosomal binary haplogroups*, „Genome Research" 2002, nr 12, s. 339–488. W głównym tekście nazywałem gałęzie, używając uzgodnionych pierwszych liter jako kluczy – z wyjątkiem przypadków Abla i Seta.

211 Na temat nazewnictwa zob. wyjaśnienie powyżej. O równomiernej częstotliwości występowania linii Kaina zob. Kivisild T. et al., op. cit. Haplotypy 50, 58 i 71 (za: Underhill P.A. et al., op. cit.). Haplotyp 71 jest korzeniem typu M89/Set (zgodnie z przyjętym nazewnictwem typ F), a także pokazuje się nieczęsto w Sudanie i Etiopii (haplotypy 58 i 71 są również znajdowane

w Indiach). Wszystkie trzy haplotypy spotyka się w Maroku (Underhill P.A. et al., op. cit.), którego populacja cechuje się znaczną europejską domieszką genetyczną niedawnego pochodzenia, co tłumaczy wyjątek. Na temat domieszki zob. Rando J.C. et al., *Mitochondrial DNA analysis of North west African populations reveals genetic exchanges with European, near-Eastern, and sub-Saharan populations*, „Annals of Human Genetics" 1998, nr 62, s. 531–550. O symbolu „F/Set" zamiast M89 zob. wyjaśnienie w przypisie 41. Na temat wysokich częstotliwości w Australii i Nowej Gwinei: Kayser M. et al., *Independent histories of human Y chromosomes from Melanesia and Australia*, „American Journal of Human Genetics" 2001, nr 68, s. 173–190. Szacunki dla indyjskich linii męskich: rys. 3 w: Kivisild T. et al., op. cit.

212 Dwaj synowie Kryszny sklasyfikowani odpowiednio jako L1 (linia najpowszechniejsza w Tamil Nadu na południu Indii – Wells R.S. et al., op. cit. – i znajdowana także na Wielkim Andamanie – rozdział 5, przypis 44) i R2 (najpowszechniejsza dalej na wschód w zachodnim Bengalu): zob. Kivisild T. et al., op. cit. Trzecia to gałąź Seta pierwszego stopnia, określona jako M69 i zawierająca głównie podgrupę H1, lecz także H* i H2 (za: Kivisild T. et al., op. cit.).

213 Underhill P.A. et al., *The phylogeography of Y-chromosome binary haplotypes and the origins of modern human populations*, „Annals of Human Genetics" 2001, nr 65, s. 43–62. Ten typ to M17: dane z Kivisild T. et al., op. cit.; Quintana-Murci L. et al.; Wells R.S. et al., op. cit.

214 Azjatycka linia YAP: typ konsensusowy D, haplotypy 40–43, węzłowy haplotyp 40, wg Underhilla haplogrupa IV (Underhill P.A. et al., op. cit.). Inna zachodnia gałąź YAP: typ konsensusowy E, wg Underhilla haplotypy 19–39. Zob. też powyżej, przypis 31 (Mehdi S.Q. et al., op. cit.). Najbardziej rozpowszechnione w Afryce: wg Underhilla haplotypy 19–30 – zob. też Underhill P.A. et al., op. cit., gdzie są również zdefiniowane jako PN2 i PN1 (haplotypy 20–27). Charakterystyczne dla Środkowego Wschodu są haplotypy 31–39 wg Underhilla; ale zob. także Underhill et al., op. cit., gdzie dalej są definiowane jako PN2 M35 (wg Underhilla haplotypy 29–38); typy YAP+, których zauważalnie brakuje wśród ludów Khoisan, z wyjątkiem niewielkiej liczby dwóch najpowszechniejszych haplotypów ze znacznikiem PN2. Może to być zgodne z hipotezą starożytnej kolonizacji YAP z Afryki ze Środkowego Wschodu (zgodnie z hipotezą Hammera zakładającą powrót YAP do Afryki) oraz z kolejną ekspansją podczas neolitu i jedynie minimalnym udziałem w populacji łowców-zbieraczy.

215 Np. Underhill P.A. et al., op. cit.

216 Tzn. typy mtDNA: M1 i pre-HV; typy chromosomu Y: YAP+ haplotypy wg Underhilla, zwłaszcza 19–30.

217 Trask R.L., *Historical Linguistics*, Arnold, London 1996, s. 377.

218 Kivisild T. et al., op. cit.

219 O jego całkowitej nieobecności w Indiach piszą: Kivisild T. et al., op. cit.; Wells R.S. et al., op. cit. Pozostałe dane: ibid.

220 Kayser M. et al., op. cit.; Underhill P.A. et al., *Maori origins, Y chromosome haplotypes and implications for human history in the Pacific*, „Human Mutation" 2001, nr 17, s. 271–280. Haplotypy 2 (M210) wg: Underhill P.A. et al., op. cit.; rys. 3 w: Kivisild T. et al., op. cit. Na temat wyspy sąsiadującej z Nową Gwineą zob. Capelli C. et al., *A predominantly indigenous paternal heritage for the Austronesian-speaking peoples of insular Southeast Asia and Oceania*, „American Journal of Human Genetics" 2001, nr 68, s. 432–433; Kayser M. et al., *Melanesian origin of Polynesian Y chromosomes*, „Current Biology" 2000, nr 10, s. 1237–1246. Haplotype 3 (M38) wg: Underhill P.A. et al., op. cit. Na temat załamania częstotliwości występowania linii Kaina zob. Kayser M. et al., op. cit.; Karafet T.M. et al., *Ancestral Asian source(s) of NewWorld Y-chromosome founder haplotypes*, „American Journal of Human Genetics" 1999, nr 64, s. 817–831.

221 Konsensusowy typ F/Set = M89 wg: Kayser M. et al., op. cit. Zob. też Karafet T.M. et al., op. cit.; Bing Su et al., *Y-chromosome evidence for a northward migration of modern humans into Eastern Asia during the last ice age*, „American Journal of Human Genetics" 1999, nr 65, s. 1718–1724.

222 Konsensusowy typ C/Kain (RPS4Y): haplotyp 46; konsensusowy typ F/Set (M89): haplotyp 71; pochodne typu F/Set: M89/M172 haplotypy 56–58, 60, 61 i 64; M89/M52 haplotypy 65, 67 i 68; M89/M9 haplotyp 87; M89/M9/M175/M122 haplotypy 78 i 79; M89/M9/M70 haplotyp 88; M89/M9/M147 haplotyp 89; M89/M9/M11 haplotypy 90 i 91; M89/M9/M45 haplotypy 111 i 113; M89/M9/M45/M173 haplotyp 104; M89/M9/M45/M173/M17 haplotypy 108 i 106 – wszystkie wg: Underhill P.A. et al., op. cit. Ponadto haplotypy 31 i 34, wg: Underhill P.A. et al., op. cit. Dodatkowo do unikatowych haplotypów YAP, które mogą wspierać hipotezę Hammera o obecności linii YAP poza Afryką, należą reprezentanci klanu afrykańskiego, haplotyp 12, znalezionego w Indiach i Pakistanie.

Rozdział 5

Wczesne azjatyckie podziały

Wszyscy mamy skłonność do zauważania różnic. „Mamo, dlaczego ten ktoś tak wygląda?” – to pytanie, jakie wciąż zadają małe dzieci. A więc dlaczego ludzie z różnych stron świata wyglądają tak odmiennie? Dlaczego dorośli i dzieci tak się tym interesują? U wielu ludzi kwestia fizycznej odmienności łączy się z najgorszą i najbardziej destrukcyjną formą ludzkiego zachowania grupowego – z rasizmem. Jednakże zamykanie oczu na rzeczywistość prowadzi donikąd. Różnice nie zblakną i nie znikną, natomiast spojrzenie na nie bez uprzedzeń pomoże nam zrozumieć, dlaczego „ten wygląda tak, a tamten inaczej” i dlaczego odmienność wyglądu fizycznego może być tak drażliwą kwestią.

Ogólnym problemem, o którym wspomnieliśmy w poprzednim rozdziale, jest fakt, że różne grupy obecnie rozproszone po wielkim kontynencie azjatyckim po rozszczepieniu się dryfowały w różne strony, oddalały się i ewoluowały odizolowane od siebie. Idea dawnej jedności grupy, która po podziale uległa rozproszeniu i zmianom w izolacji, znajduje wsparcie w genetyce, ale już archeologia i badanie szczątków nie dają w szczegółach jasnego i zgodnego obrazu. Prawdą jest, że mamy bardzo niewiele dowodów archeologicznych i kopalnych wskazujących, gdzie przodkowie współczesnych azjatyckich grup mogli przebywać w ciągu ostatnich 70 000 lat, a więc do pewnego stopnia każda odpowiedź pozostaje spekulacją. Choć dowody ze skamieniałości są niepewne,

archeologiczne datowanie stanowisk w połączeniu z wiedzą o dawnych zmianach klimatu i znajomością znaczników genetycznych pozwala na rekonstrukcję szlaków, jakie przemierzyli dawni Azjaci. Pionierzy penetrowali ten rozległy kontynent z trzech znacznie od siebie oddzielonych części azjatyckiego wybrzeża Oceanu Indyjskiego. Wybór tych tras miał istotne konsekwencje dla późniejszego zróżnicowania cech fizycznych eksploratorów wynikającego z izolacji i przystosowania do nowego środowiska.

Dlaczego to pytanie jest tak fascynujące i co właściwie rozumiemy przez „różnicę”? Odpowiedź na pierwsze pytanie to zapewne sprawa ludzkiej natury, która ewoluując, stworzyła niezwykłą zdolność rozpoznawania i zapamiętywania olbrzymiej liczby ludzkich twarzy. Potrzebujemy tej zdolności do życia w wielkich grupach społecznych[223], które stają się coraz większe, a interakcje między ich członkami – o wiele bardziej skomplikowane niż wśród naszych najbliższych krewnych szympansów. Musimy umieć rozpoznawać wielką liczbę ludzi. Mylne rozpoznawanie ludzi, których powinniśmy znać, bywa kłopotliwe i źle odbierane.

Rozpoznawanie twarzy oprócz towarzyskich korzyści daje nam możność klasyfikowania tego, co widzimy, i identyfikowania fizycznych podobieństw wewnątrz grup oraz różnic między grupami. W sposób oczywisty może to żywić i naprawdę żywi nasze skłonności do zachowań łączących i wykluczających, i prowadzi do dyskryminacji tych, którzy są „inni”. Na szczęście własny wgląd we wrodzone skłonności do „łączenia się i wykluczania” oraz straszne zbrodnie przeciwko ludzkości mające rasistowskie podłoże doprowadziły do przyjęcia prawodawstwa zakazującego takich zachowań. Na nieszczęście taka kontrola nie zawsze jest skuteczna i stare lekcje diabelskich pogromów i grupowych prześladowań są ignorowane nawet przez byłe ofiary rasizmu.

OGRANICZONA MOC SŁÓW

Ubocznym efektem walki z rasizmem jest zainspirowanie dyskusji o rasowych tabu. Nawet samo słowo „rasa”, skażone na wieki przez erę nazizmu, zostało wyjęte spod prawa przez wielu antropologów jako nienaukowe, uwłaczające, pozbawione znaczenia i wartości, i prowadzące do błędnego przekonania, że rasy są odrębnymi bytami, podczas gdy w rzeczywistości wszędzie występują zróżnicowania, gradacje i wymieszania. Faktem pozostaje – co dzieci szybko spostrzegają – że ludzie z różnych zakątków świata diametralnie różnią się między sobą, ale ma to swoją wartość. Zakaz używania słowa „rasa” i regularne stosowanie eufemizmów w niczym nie pomaga; większość terminów alternatywnych, takich jak „populacja” lub „grupa etniczna”, jest tak niejasna, że wręcz może prowadzić na manowce. W tej książce piszę o typach „kaukaskich” (Caucasoid), „mongoloidalnych” (Mongoloid) i „negrytach” w celu opisania typów fizycznych, nie dlatego, że są to określenia akuratne, lecz dlatego, że są w powszechnym użyciu. Wielu antropologów zgłosi zastrzeżenia, uznając te określenia za uwłaczające i nieprecyzyjne. Dzięki tabeli z rysunku 5.1 czytelnicy, którzy podzielają ten pogląd, będą mogli sobie przetłumaczyć moją terminologię, kładąc nacisk na nazwy obszarów geograficznych, ogólnie odpowiadających tubylczym populacjom pod względem wielu cech biologicznych.

Terminologia używana w tej książce	*Terminologia zogniskowana na regionach geograficznych odpowiadających tubylczym populacjom*
Afrykanie	Afrykanie subsaharyjscy
Negryci	mieszkańcy Andamanów, Semangowie, Filipińczycy, filipińscy Aetowie
Rasa kaukaska	Europejczycy, mieszkańcy Środkowego Wschodu i Afryki Północnej
Australoidzi	Aborygeni australijscy łącznie z Tasmańczykami
Melanezyjczycy	mieszkańcy Nowej Gwinei, Archipelagu Bismarcka, Vanuatu i Nowej Kaledonii
Południowi mongoloidzi	południowi Azjaci (za wyjątkiem Negrytów), Polinezyjczycy i Mikronezyjczycy
Północni mongoloidzi	północni Azjaci (z wyjątkiem Ajnów), populacje Nowego Świata

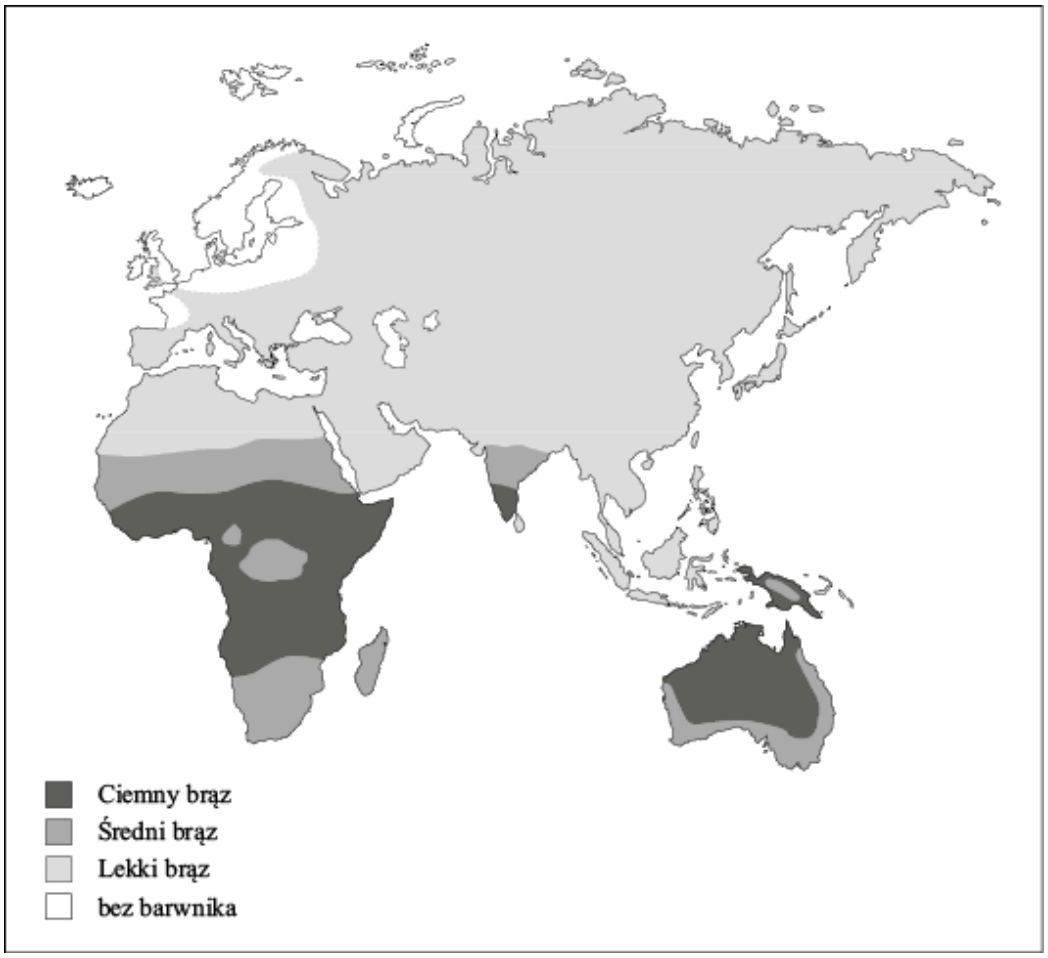
Rysunek 5.1. Tabela terminologii zgrubnego podziału grup etnicznych z nazwami odpowiadającymi oczywistym różnicom rasowym.

Wybierając określoną terminologię, nie mam zamiaru uwłaczać komukolwiek, kto wygląda inaczej ode mnie. Odwrotnie, wiem, że reszta świata czerpie wyraźne korzyści z tego, iż różni się wyglądem ode mnie. Jednakowoż wierzę, że politycznie poprawne eufemizmy są równie nieprecyzyjne i mylące jak dawniej używane nazwy. Bez wątpienia dobrze znane określenia takie jak „osobnik mongoloidalny" są często poręcznym skrótowym opisem ogólnego typu fizycznego, lecz powinniśmy zawsze pamiętać, że tradycyjne terminy niedokładnie opisują skomplikowaną rzeczywistość biologiczną, zróżnicowaną wewnątrz grup i współdzieloną przez społeczności.

Najbardziej oczywistą fizyczną różnicą odróżniającą ludy Eurazji jest kolor skóry, która ma tendencję ciemnienia w bardziej słonecznych regionach tropikalnych. To nie zbieg okoliczności. Ciemna barwa skóry, zależna od pigmentu melaniny, jest kontrolowana przez liczbę słabo poznanych genów, podlegających zmianom ewolucyjnym. Ryzyko oparzeń, bąbli i prawdopodobieństwo śmierci z powodu raka skóry, wywołanego przez promieniowanie ultrafioletowe, jest u mieszkańców rejonów tropikalnych i subtropikalnych znacznie zredukowane dzięki ciemnej barwie skóry. Są również inne, mniej poważne korzyści: na przykład melanina w skórze pigmentowanej pozwala na wydajne wydzielanie ciepła oraz ochronę przed utratą niezbędnej dla organizmu witaminy, jaką jest kwas foliowy. Tak więc w regionach słonecznych przez wiele generacji ludzie z ciemną skórą żyją średnio dłużej i mają liczniejsze rodziny[224]. W Azji Północnej (tzn. na północ od Wyżyny Tybetańskiej i wschód od Uralu) oraz w Europie jest mniej słońca, co powoduje mniejsze ryzyko nowotworu skóry, lecz zawsze istnieje ryzyko krzywicy, choroby kości spowodowanej brakiem światła słonecznego, która wciąż zabijała londyńskie dzieci nawet na początku XX wieku. Wiem o tym, gdyż kiedyś badając przypadki krzywicy, opierałem się głównie na informacjach oddziału patologii Królewskiego Szpitala Londyńskiego (Royal London Hospital). Krzywica (inaczej osteomalacja) wróciła na niewielką skalę do Wielkiej Brytanii w drugiej połowie XX wieku, lecz zachorowania odnotowano jedynie wśród rodzin z subkontynentu indyjskiego. Częściowo winna była

ciemniejsza skóra, odfiltrowująca już i tak skromną dawkę promieni słonecznych.

A więc mamy tu do czynienia z przynajmniej dwiema współdziałającymi siłami ewolucyjnej selekcji, dążącymi do dobrania koloru skóry zależnie od szerokości geograficznej. Sterowana słońcem zmiana koloru skóry i włosów ewoluowała przez wiele pokoleń. Dostępne dowody genetyczne wskazują, że Afrykanie zawsze pozostawali pod intensywną presją selekcyjną wymuszającą ciemny kolor skóry. Jednakże poza Afryką, jadąc od Skandynawii na północy Europy lub Syberii na północy Azji w dół do Włoch lub Azji Południowo-Wschodniej, możemy zobaczyć gradację kolorów skóry i włosów. Najbardziej ciemnoskóre grupy nie-Afrykanów nadal żyją raczej w regionach słonecznych i krajach tropikalnych. Oczywiście, skoro zmiana koloru skóry trwa przez wiele pokoleń, możemy czasami znaleźć ludzi, którzy zachowali jasną skórę, choć ich bezpośredni przodkowie przenieśli się do słonecznych krajów (i *vice versa*). Dobrym przykładem jest Australia, słoneczny kraj, w którym większość mieszkańców stanowią dziś bladoskórzy potomkowie niedawnych imigrantów. Australia ma jeden z najwyższych na świecie odsetek nowotworów skóry i jest to początek powolnej ewolucyjnej drogi, która w końcu doprowadzi do generalnego pociemnienia skóry potomków Europejczyków. I odwrotnie, pierwsi przybysze na północ Europy i Azji prawdopodobnie rozpoczęli podróż jako bardzo ciemnoskórzy, których skóra wskutek ewolucji później zbladła. Pomijając kilka takich wyjątków jak Australia, należy zauważyć, że przeciętna barwa skóry na całym świecie jest dostosowana do względnej, lokalnej ilości ultrafioletu (rysunek 5.2)[225].



Rysunek 5.2. Oryginalny rozkład kolorów skóry w Starym Świecie. Poza kilkoma oczywistymi wyjątkami, takimi jak Australia, grupy o najciemniejszej skórze nadal zamieszkują słoneczne kraje tropikalne.

Ponieważ ten trend ewolucyjny w sposób ciągły wpływa na ludzi pod wszystkimi szerokościami geograficznymi, nasz kolor więcej mówi o miejscu życia naszych przodków w ciągu ostatnich 10 000–20 000 lat niż o genetycznym zróżnicowaniu w ciągu poprzednich 60 000 lat. Kolory skóry dzisiejszych ludzi mają zatem ograniczoną wartość dla śledzenia starożytnych tras migracji po wyjściu z Afryki. Innymi słowy, kolor nie jest najlepszym znacznikiem dla zrozumienia ludzkiej prehistorii od 70 000 do powiedzmy 10 000 lat temu. Możemy być zaskoczeni tą niezbyt istotną rolą koloru skóry, który jest najbardziej oczywistą cechą dywersyfikującą spośród wszystkich charakterystyk „rasowych". Kluczem ludzkich zachowań

dyskryminujących nie jest logika, lecz potrzeba znalezienia łatwo rozpoznawalnej cechy lub pretekstu do jednoczenia własnej grupy i wykluczania grup konkurujących. Różnica może być trywialna. Regularnie wybieramy nawet najbardziej absurdalne odmienności, na przykład niewielkie różnice między ściśle spokrewnionymi religiami, tylko po to, aby usprawiedliwić prześladowania i zabijanie naszych sąsiadów.

ODMIENNY WYGLĄD TWARZY

Inne poważne różnice, takie jak kształt twarzy, są zdeterminowane przez kształt kości czaszki. Te rzeczywiście są odmienne w różnych częściach świata – na wschodzie, południowym wschodzie i w Azji Południowej – i świadczą o raczej długim okresie odseparowania mieszkańców tych regionów. W całej Azji Wschodniej spotykamy typ mongoloidalny z dodatkową, chroniącą górną powiekę tak zwaną fałdą mongolską, szerokimi policzkami i szeroką czaszką. Ten typ jest często dzielony na mongoloidalny północny i mongoloidalny południowy, ze słabiej zaznaczoną fałdą mongolską, obejmujący południowy typ chiński oraz ciemnoskóry mongoloidalny typ południowoazjatycki (rysunek 5.3)[226].

Wielką różnorodność ludów znajdujemy w Azji Południowej, szczególnie w Indiach. Większość Hindusów, choć ciemnoskóra, jest bardziej podobna do Europejczyków i mieszkańców Środkowego Wschodu niż do wschodnich Azjatów. Europejczycy z długimi i wąskimi głowami, okrągłymi oczami i bladą skórą są czasami zaliczani do rasy kaukaskiej. Dalej na północy Indii i w Pakistanie trafiamy na większe podobieństwo do „kaukazoidalnych" Lewantyńczyków, mieszkańców Środkowego Wschodu. W południowych Indiach dominują ludzie ciemnoskórzy, z kręconymi włosami i okrągłymi oczami. We wschodnich Indiach, w Asamie i Nepalu żyją ludzie o bardziej mongoloidalnym wyglądzie.

W rozdziale 4 przyjrzeliśmy się innej kategorii Azjatów, którzy mogą stanowić resztkę przeszukiwaczy plaż idących tym szlakiem

do Australii. Rozproszeni wzdłuż wybrzeża Oceanu Indyjskiego, w Pakistanie i Indiach oraz na Andamanach, w Filipinach i w Malezji stanowią kilka tak zwanych grup aborygeńskich, które z powodu bardzo ciemnej skóry i kręconych włosów powierzchownie przypominają Afrykanów i mieszkańców Nowej Gwinei. Te mniejszości nazywamy odpowiednio Negroidami, Negrytami i Melanezyjczykami.

Choć to bardzo drobna mniejszość wśród reszty azjatyckich ludów Starego Świata, jak wspomniałem, takie grupy aborygeńskie są traktowane przez uczonych jako bardziej zbliżone do pierwszych ludzi, którzy wyszli z Afryki, niż inni Azjaci. To uogólnienie w efekcie sugeruje, że cała liczna populacja reszty Azji się zmieniła. Równoległe badania dentystyczne tej samej aborygeńskiej ludności, którą próbkowałem w celu poznania znaczników genetycznych (rozdział 4), dały fizyczne potwierdzenie tego poglądu. Kolejnym dowodem potwierdzającym, że grupy aborygeńskie są reliktami szlaku przeszukiwaczy plaż, jest fakt, iż żadna z czaszek sprzed okresu ostatniego zlodowacenia, wykopanych w Europie i Azji Wschodniej i Południowo-Wschodniej, nie ma kształtu kaukaskiego ani mongoloidalnego. Zamiast tego widzimy formy zbliżone do czaszek najstarszych Afrykanów i Lewantyńczyków sprzed 100 000 lat[227].

DAWNIEJ LUDZIE BYLI WIĘKSI I BARDZIEJ Z GRUBA CIOSANI

Tak czy inaczej, skąd wiemy, jak wyglądali pierwsi emigranci z Afryki? Najprostszą odpowiedzią jest stwierdzenie, że nie wiemy. Przypuszczenie, że byli ciemnoskórzy i mieli kręcone włosy, to rozważna i nieposuwająca się za daleko spekulacja oparta na wyglądzie obecnych Afrykanów[228], choć jest nieprawdopodobne, aby ci sprzed 80 000–100 000 lat wyglądali zupełnie tak samo jak dzisiejsi. Jednakże mamy kilka wskazówek.

Kilka skamieniałych czaszek anatomicznie współczesnych ludzi przetrwało nietkniętych sprzed 100 000 lat. Jedna jest często

podawana jako charakterystyczna dla okresu pierwszego, nieudanego wyjścia do Lewantu. Od jaskini, w której ją znaleziono, nosi nazwę Skhul 5. W tej samej jaskini znaleziono jeszcze kilka innych czaszek, ale Skhul 5 jest najlepiej zachowana. Typ Skhul posłużył do rekonstrukcji „twarzy Ewy" w filmie dokumentalnym *Prawdziwa Ewa* (*The Real Eve*). Czaszki anatomicznie współczesnych ludzi z tego okresu wykazują wielką różnorodność, lecz mają kilka charakterystycznych cech wspólnych, które uległy zmianie w późniejszych pokoleniach, a więc innych niż u współczesnych Afrykanów. Najbardziej oczywiste są dwie blisko ze sobą związane cechy: duże rozmiary i „toporność". Toporność to wielka, wyrazista czaszka, grubokościstość i ciężkie w porównaniu ze wszystkimi dzisiejszymi populacjami łuki brwiowe. Przeciwieństwem toporności jest wdzięk i smukłość, cechy używane do opisania osobników z płaskim, wysokim i pionowym czołem, gładszymi łukami brwiowymi, cieńszymi, długimi kośćmi i delikatniejszymi kośćmi czaszki. Inne dziedziczne cechy w czasach przed południowym exodusem to stosunkowo wąska czaszka (mniejsza szerokość od lewej do prawej niż od przodu do tyłu) i znaczna szerokość górnej części twarzy[229].

Rozmiary i toporność szkieletu są ze sobą ściśle związane (zwłaszcza w czaszce). Stanowi to dla nas problem, gdy na podstawie kości usiłujemy rekonstruować prehistorię, najbardziej zauważalną zmianą od czasów wyjścia z Afryki jest bowiem stopniowe zmniejszanie się rozmiarów i toporności *wszystkich* ludzi na świecie, *również Afrykanów*. Choć niektóre długotrwałe zmiany są prawdopodobnie implikowane genetycznie, najbardziej radykalna redukcja rozmiarów nastąpiła w ciągu minionych 10 000 lat i może mieć przyczynę raczej żywieniową niż genetyczną.

W JAKI SPOSÓB ZMALELIŚMY?

Wczesny łowca-zbieracz wiódł twarde życie włóczęgi i dlatego gęstość zaludnienia pozostawała niewielka, ale jego dieta była

bogata w białka, minerały i różnorodne warzywa. I odwrotnie, choć uprawiający zboża przed 8000 lat mogli uzyskiwać wysokie plony z hektara i mieć wielkie rodziny w rezultacie wczesnego odstawiania dzieci od piersi, ich dieta była monotonna, bogata w węglowodany z ubóstwem białek, witamin i wapnia. Wczesne odstawianie od piersi z bogactwem węglowodanów i niskim poziomem białek skutkowało hamowaniem wzrostu aż po wiek dojrzały. W rezultacie, choć społeczeństwo *powiększało się* w przededniu epoki rolnictwa, wzrost dzieci i dorosłych *zmniejszał się* wyraźnie. Było to szczególnie zauważalne wśród ludów Dalekiego Wschodu żywiących się ryżem z niewielką ilością białka.

Dziś obserwujemy efekt odwrotny. Gdy wschodni Azjaci migrują z kultur zjadaczy ryżu do Stanów Zjednoczonych i przechodzą na dietę wysokokaloryczną i wysokobiałkową z niewielką ilością wypełniaczy, w ciągu dwóch pokoleń ich dzieci zbliżają się wzrostem do dzieci Amerykanów. Społeczeństwa amerykańskie i europejskie z własną ulepszoną dietą również odnotowują stały wzrost wymiarów ludzi dorosłych od czasów II wojny światowej[230].

Jeżeli więc krzepkość zależy częściowo od wielkości, a średnie dzisiejsze wymiary przedstawicieli społeczeństw lokalnych zależą od obecnej diety, to śledzenie wartości tych dwóch determinant wyglądu w celu zbadania różnicowania się nie-Afrykanów przez 70 000–80 000 lat ma znacznie mniejszą wartość. Również wiele zmian krzepkości, wielkości i ogólnego wyglądu ludzi współczesnych od czasu migracji z Afryki może mieć w istocie odwracalny charakter dzięki dobrej diecie i zdrowemu stylowi życia. Może to wyjaśniać „neandertalski” wygląd niektórych zawodników sportów kontaktowych.

Z upływem czasu możemy zaobserwować permanentne zmiany czaszek i zębów. Zauważmy najpierw, że zmniejszanie się rozmiarów czaszki w różnych regionach było powodowane przez nieco inne mechanizmy.

ZMIANA CZASZEK

Choć czaszki australijskich Aborygenów i w mniejszym stopniu Nowogwinejczyków zmniejszyły się także, ich kości pozostały potężniejsze niż u innych grup i narodowości. Czaszki Australijczyków zmniejszyły się pod względem długości i szerokości. Australijscy Aborygeni są czasami uważani za najlepszy przykład pozostałości form pierwotnych, ale pod pewnymi względami lepszy przykład stanowią Nowogwinejczycy. Kilka szczegółów dotyczących przeszłości i teraźniejszości australijskich Aborygenów pozostaje niewyjaśnionych – jeden to fakt, że najstarsze czaszki kopalne z Australii są smukłe, a nie krzepkie, z grubsza ciosane. Inną przyczyną poglądu, że Australijczycy musieli nieco „odejść" od swego pierwotnego typu, być może wskutek domieszek, jest fakt, że dziś ich włosy w większości nie są skręcone, lecz układają się w loki[231].

Tylko jedna grupa współczesnych ludzi zachowała podobną do Australijczyków i Nowogwinejczyków grubość rysów, to mieszkańcy Ziemi Ognistej w Ameryce Południowej, plemię do dziś praktycznie wymarłe. W Japonii inny, raczej krzepki typ czaszki jest reprezentowany przez sławne czaszki Minatogawa wykopane na Okinawie, subtropikalnej japońskiej wyspie, i datowane na szczytowy okres ostatniego zlodowacenia. To czaszki przedstawicieli neolitycznej kultury Jōmon, których uważamy za przodków zamieszkujących północną Japonię Ajnów. Wśród przodków Europejczyków i mieszkańców Środkowego Wschodu wystąpiła ograniczona i zmienna redukcja długości czaszki i grubości rysów, pozostawiając do pewnego stopnia twarze podłużne, jak również resztkowo szersze, z grubszymi rysami, co pozwala wyjaśnić moje własne krzaczaste brwi[232].

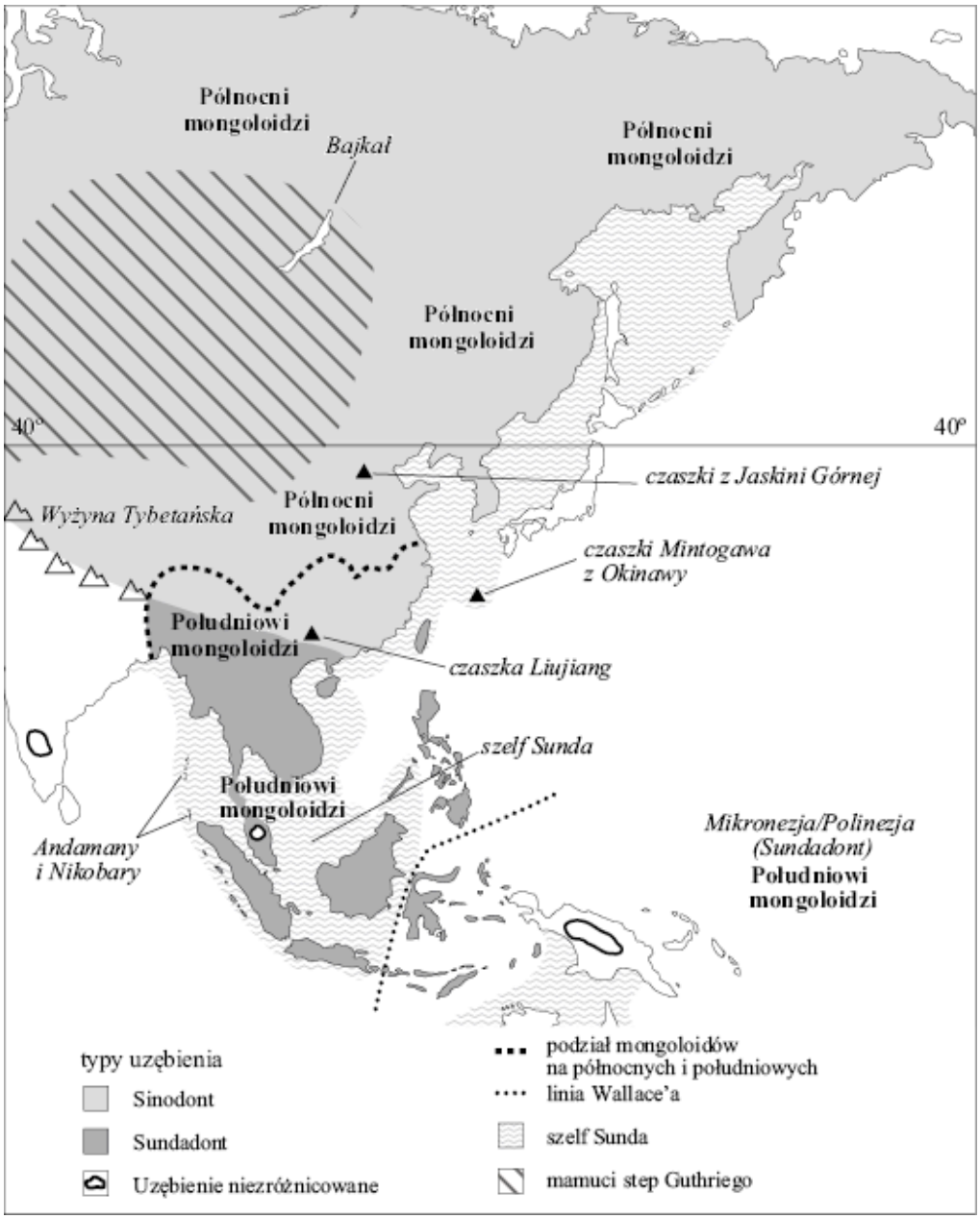
Najbardziej zauważalne zmiany nastąpiły wśród ludów nazywanych teraz mongoloidalnymi. Zmniejszenie czaszki polegało u nich przede wszystkim na jej skróceniu od tyłu do frontu z pozostawieniem wysokości i szerokości. Kolejną zmianą charakterystyczną dla ludów mongoloidalnych było silne spłaszczenie twarzy. Jest to najwyraźniejsze wśród społeczności neolitycznych na wschód od syberyjskiego Bajkału i wokół Mongolii (rysunek 5.3). Mówimy tu o bardzo silnym spłaszczeniu, samo spłaszczenie bowiem nie jest

nową cechą i mieści się w zakresie normalnych ludzkich odmienności. W mniejszym stopniu zauważamy je u wczesnych czaszek afrykańskich, u współczesnych myśliwych z grupy ludów Khoisan i u szacownego przywódcy postapartheidowej Republiki Południowej Afryki. Rezultatem tych zmian jest wysoka, ładnie ukształtowana, raczej szeroka głowa obecnie dominująca w Azji Wschodniej, niemal na pewno zdeterminowana genetycznie. Wschodni Azjaci należą również do najsmuklejszych współczesnych ludów[233].

Kiedy i gdzie nastąpiły cielesne zmiany charakterystyczne dla dzisiejszych ludów mongoloidalnych? Data przybycia pierwszego człowieka do Chin jest dyskusyjna, lecz mogło to nastąpić około 70 000 lat temu. Ważne, aby pamiętać, że pierwsi rozumni mieszkańcy Chin nie mieli typowego mongoloidalnego wyglądu, a kilka czaszek, jakie przetrwały na Nizinie Chińskiej i w Azji Południowo-Wschodniej sprzed ostatniej epoki lodowcowej 20 000 lat temu, miało grube rysy i starodawny kształt. W rzeczywistości najwcześniejsze niepodważalnie mongoloidalne szczątki znalezione na świecie są datowane na okres ostatnich 10 000 lat. Te pochodzą z Dalekiego Wschodu, ale najstarsze ludzkie szczątki w Azji mogące odpowiadać charakterystykom mongoloidalnym znaleziono w regionach położonych znacznie dalej na wschód, w stanowisku Afontowa Gora, na brzegu Jeniseju, na południowej Syberii, na zachód od Bajkału. Ich wiek oceniamy na 21 000 lat. Ponieważ jest to znalezisko odosobnione o dyskusyjnym znaczeniu, a na południowej Syberii brakuje innych przedlodowcowych czaszek wskazujących na sekwencję bytów, wszystko, co możemy wywnioskować wyłącznie z ograniczonych danych wykopaliskowych bez odwołania do innych dowodów, sprowadza się do stwierdzenia, że zmiana rysów w kierunku cech mongoloidalnych nie musi być typowa dla Chin[234].

OPOWIADANIE O ZĘBACH

Inną, mniej zauważalną, ale nie mniej znaczącą cechą była zmiana kształtu zębów. Badania uzębienia współczesnych Europejczyków wskazują kilka cech będących echem właściwości szkieletów przedwiecznych przodków (rysunek 5.4). Widać, że Europejczyków możemy pogrupować, wiążąc z resztkowymi społecznościami przeszukiwaczy plaż wokół Oceanu Indyjskiego (obejmującymi Hindusów, negryckich Semangów z Malajów i Nowogwinejczyków), które zachowały więcej cech afrykańskich przodków niż inni nie-Afrykanie. Tego znaczącego zębowego powiązania Europejczyków z innymi „najmniej zmienionymi" grupami nieafrykańskimi znad Oceanu Indyjskiego można było oczekiwać po pojedynczym południowym wyjściu z Afryki. To według mnie jeszcze jeden gwóźdź do trumny (jeżeli jeszcze jest potrzebny) rasistowskich stereotypów *rozwiniętych* Europejczyków i *prymitywnych* Aborygenów[235].



Rysunek 5.3. Mapa typów mongoloidalnych i zróżnicowania zębowego w Azji Wschodnej. Typy uzębienia Sundadont i Sinodont zajmują z grubsza te same obszary co południowy i północny typ mongoloidalny, z wyjątkiem południowych Chin, gdzie Jangcy oddziela północny typ mongoloidalny od południowego. Sachalin i Japonia zostały wyłączone z podziału, gdyż aborygeńska grupa Ajnów i jej przodkowie z okresu kultury Jōmon należą częściowo do typu Sundadont.

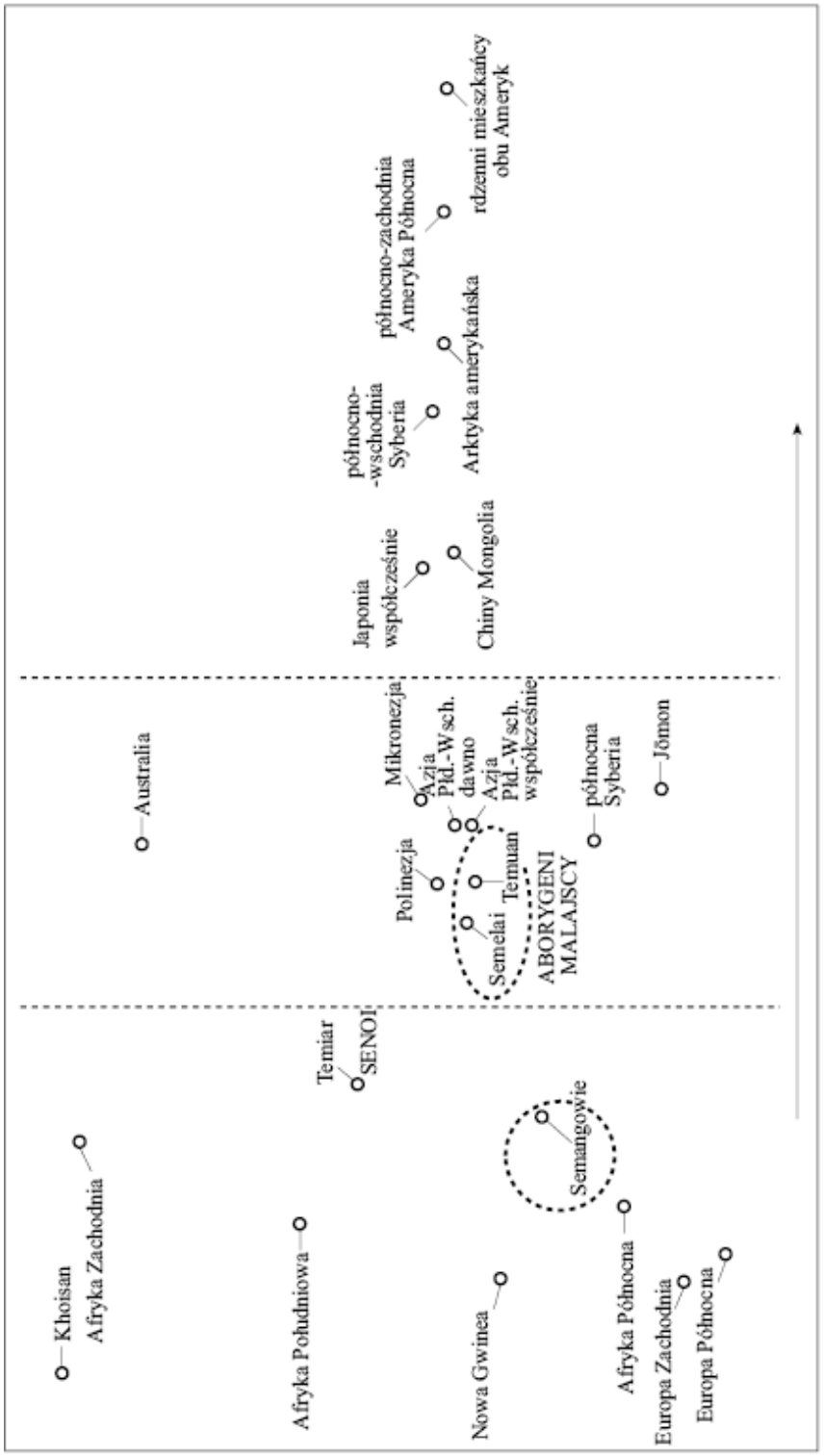
Tuż za tymi „dentystycznie nieodróżnialnymi przeszukiwaczami plaż", jak wskazuje analiza zębów, mamy jeszcze jedną grupę.

Należą do niej inni Aborygeni z Azji Południowo-Wschodniej (bez negryckich Semangów), tacy jak aborygeńsko-malajskie ludy z Półwyspu Malajskiego i różne reliktowe społeczności z wybrzeża Pacyfiku, aborygeńscy Ajnowie w Japonii i Polinezyjczycy.

Wszystkie te grupy posiadają kilka wczesnych cech dentystycznych pochodnych typu Sundadont, nazwanego tak od południowo-wschodniego regionu geologicznego Azji, szelfu Sunda, gdzie jak się uważa, ten typ się narodził. Typu Sundadont nie znajdujemy nigdzie na zachód wzdłuż szlaku przeszukiwaczy plaż. Nie ma go na przykład w Indiach. Ważne, że większość społeczności należących do typu Sundadont ma również cechy mongoloidalne i jest klasyfikowana jako południowi mongoloidzi. Paleolityczny „człowiek z Minatogawa" i neolityczni przedstawiciele kultury Jōmon w Japonii, którzy być może są przodkami dzisiejszych Ajnów, również wykazują zębowe cechy Sundadont, tak jak ludy Pacyfiku i Azji Południowo-Wschodniej[236].

Ciekawą pozycję w tym spektrum zajmują Aborygeni australijscy (rysunek 5.4), wykazując kilka cech Sundadont, w przeciwieństwie do swych sąsiadów Nowogwinejczyków. Zdaje się to potwierdzać możliwość pewnej domieszki krwi[237].

Sinodont to druga poza Sundadont z dwóch ważnych grup zębowych Eurazji (dosłownie nazwa oznacza „chińskie zęby"). Pewne kształty zębów, znane także w grupie Sundadont, są w grupie Sinodont nader uwypuklone, a poza tym grupę tę charakteryzuje ogólne zmniejszenie rozmiaru zębów. Jest ona charakterystyczna dla północnych, azjatyckich ludów mongoloidalnych z głównego kontynentu azjatyckiego z nasileniem ku północy i rozszerzeniem na Ameryki (rysunek 5.3). Przedstawicieli grupy Sinodont brakuje na południu Azji nawet dzisiaj.



Rysunek 5.4. Dwuwymiarowy wykres rozprzestrzenienia zmian morfologicznych uzębienia. Widzimy spektrum od niezróżnicowania (Afryka, Europa, reliktowi aborygeńscy Semangowie i Senoi oraz Nowa Gwinea) przez grupę Sundadont

(malajscy Aborygeni, mieszkańcy Azji Południowo-Wschodniej i wyspiarze z Pacyfiku) po grupę Sinodont (północni mongoloidzi i rdzenni Amerykanie). Zwężający się wykres wskazuje na zmniejszanie się różnorodności w miarę oddalania się od Afryki. Ludy kultury Jōmon i mieszkańcy południowej Syberii wyraźnie odstają od tej klasyfikacji.

Bardzo upraszczając, możemy powiedzieć, że typ Sundadont reprezentuje najwcześniejszą zmianę uzębienia przeszukiwaczy plaż od czasu ich wyjścia z Afryki i kombinację tych cech znajdujemy zarówno u południowych ludów mongoloidalnych z Azji Południowo-Wschodniej, Polinezji i Mikronezji, jak i – w mniejszym stopniu – u niektórych niemongoloidów takich jak przedstawiciele kultury Jōmon w Japonii i odizolowani mieszkańcy Andamanów. Sinodont to bardziej zróżnicowana grupa o tym samym kierunku zmian morfologicznych co Sundadont, który znajdujemy u północnych mongoloidów, łącznie z północnymi Chińczykami i – nawet w bardziej nasilonej formie – u ludów północnej Syberii i u rdzennych Amerykanów[238].

SEKRET MONGOLOIDALNEGO POCHODZENIA

Gdy patrzy się na kształt czaszki, zęby i znaczniki genetyczne, widać jasno, że spośród wszystkich grup mieszkających poza Afryką społeczności mongoloidalne zmieniły się najbardziej od czasu wyjścia z Afryki. Odejście od typu przodków i utrata różnorodności narasta wśród dzisiejszych społeczności, gdy w Azji Wschodniej posuwamy się na północ, a potem na wschód w stronę amerykańskiej Arktyki. Nie zostało całkiem wyjaśnione, jak, kiedy i gdzie rozwinęły się cechy odróżniające mongoloidów od innych Eurazjatów. Nie jest to drętwa akademicka kwestia. Mongoloidzi są przecież typem najliczniejszym, rozciągniętym na największych obszarach świata. Przybyli do Ameryki przed ostatnim zlodowaceniem 20 000 lat temu (zob. rozdział 7), lecz na nizinach chińskich nie pojawili się aż do czasów dobrze po zakończeniu okresu lodowcowego w historii ludzkości. Tę raczej skomplikowaną historię możemy podsumować następująco:

1. Pierwsi Azjaci (którzy byli również przodkami Europejczyków) wyglądali jak Afrykanie z tamtych czasów i mieli prawdopodobnie podobne uzębienie.
2. Ci pierwsi niezróżnicowani krzepcy południowi Azjaci o grubociosanych obliczach nie wcześniej niż 80 000 lat temu rozprzestrzenili się wzdłuż południowoazjatyckiego wybrzeża od południowego wybrzeża Arabii przez Indie po Azję Południowo-Wschodnią, sięgając do Nowej Gwinei na końcu łuku na południowo-zachodnim Pacyfiku. Dzisiejsi reliktowi potomkowie żyjący wzdłuż tej trasy zachowali cechy uzębienia przodków.
3. Te niezróżnicowane typy rozprzestrzeniały się również z Indochin na północ do Chin, sunąc wokół zachodniej krawędzi Pacyfiku między 35 000 a 70 000 lat temu.
4. W pewnym okresie *przed* ostatnim zlodowaceniem nowa grupa cech uzębienia, zwana typem Sundadont, rozwinęła się wśród „premongoloidów" w Azji Południowo-Wschodniej. Ten nowy typ uzębienia rozszerzał się w zmodyfikowanej formie na północny wschód wzdłuż wybrzeża Pacyfiku do Japonii (prehistoryczna kultura Jōmon i obecni Ajnowie) i południowo-wschodniej Polinezji (rysunek 5.3).
5. Drugi kompleks cech uzębienia, Sinodont, ma prawdopodobnie znacznie późniejsze pochodzenie i jest pochodną typu Sundadont. Ewolucja od Sundadont do Sinodont, jak się zdaje, nie nastąpiła w Azji Południowo-Wschodniej ani wzdłuż zachodniego wybrzeża Pacyfiku wśród przedstawicieli kultury Jōmon lub Ajnów w Japonii; lecz intensywność występowania typu Sinodont zwiększa się, gdy wędrujemy wśród mongoloidalnych społeczności na północ głównego lądu Azji Wschodniej i osiąga maksimum w obu Amerykach. Wydaje się więc, że Sinodont pochodzi od południowego Sundadont. Z powodu braku wykopalisk w Chinach ani w Japonii nie wykryto obecności typu Sinodont sprzed 10 000 lat.
6. Mongoloidalny typ czaszki charakteryzuje delikatna smukłość kości, znaczne spłaszczenie twarzy i skrócenie jej

długości. W rejonie Bajkału znaleziono jedną czaszkę ze spłaszczonym nosem z okresu tuż przed ostatnim maksymalnym zlodowaceniem. Spłaszczenie twarzy jest wciąż najsilniej zaznaczone w tym regionie.

7. Podobnie jak Sinodont, mongoloidalne cechy nie zostały wykryte w chińskich wykopaliskach sprzed maksimum ostatniego zlodowacenia. W okresie późniejszym rozprzestrzeniły się szeroko w północnej i wschodniej Azji i są charakterystyczne dla typu Sinodont, innymi słowy dla północnych mongoloidów, jak również większości rdzennych Amerykanów.

Progresywna zmiana czaszki – jak się zdaje – postępowała równolegle do przechodzenia od typu Sundadont do typu Sinodont. Jeżeli przodkami osobników należących do typu Sinodont byli przedstawiciele Sundadont na południu, to przynajmniej część innych cech fizycznych charakteryzujących północnych mongoloidów może również pochodzić z południa. Jeżeli pierwsi charakterystyczni przodkowie północnych mongoloidów nadeszli z południa, powinni mieć wspólnych przodków z takimi – wciąż tam żyjącymi – ludami jak malajscy Aborygeni. Jak zobaczymy później, istnieje dowód dobrze wspierający twierdzenie, że przynajmniej główne linie genetyczne Azji Wschodniej i Północno-Wschodniej ostatecznie pochodzą z Indochin; typy ich przodków wciąż znajdujemy wśród południowych mongoloidów w tym regionie.

Pora się zatrzymać, by przyjrzeć różnym implikacjom i logice tego modelu przejścia z południa na północ zamiast z północy na południe oraz zmianom zębów i kości. Sundadont, jeden z dwóch wschodnioazjatyckich typów uzębienia kojarzonych dzisiaj z ludami mongoloidalnymi, powstał raczej wcześnie w Azji Południowo-Wschodniej i reprezentuje wczesną zmianę, nadal znajdowaną w niektórych niemongoloidalnych społecznościach reliktowych. Drugi typ, Sinodont, jest najpowszechniejszy w Azji Wschodniej i w Amerykach, ale nawet dzisiaj nie znajdujemy go u tubylczych południowo-wschodnich Azjatów. Ta ostatnia obserwacja świadczy na korzyść ruchu z południa na północ.

A co z domieszką z północy? Gdybyśmy mówili o tym, jak powstali południowi mongoloidzi, moglibyśmy oczekiwać, wyłącznie na podstawie skojarzeń i analogii, masowego „wkroczenia przedstawicieli typu Sinodont" do Azji Południowo-Wschodniej, lecz tak nie twierdzimy. Prosta obserwacja stopnia zmian wiedzie do teorii, że typy uzębienia ewoluowały najpierw na południu do postaci Sundadont, by potem zdryfować do postaci Sinodont wraz z przesuwaniem się ludów mongoloidalnych do Azji Środkowej.

Progresja i uwydatnianie cech Sundadont prowadziły do powstania typu Sinodont, czemu towarzyszyło uwydatnianie niektórych cech mongoloidalnych takich jak spłaszczenie twarzy, wyraźniejsze u mongoloidów północnych niż u południowych. Jakiekolwiek były siły ewolucyjne wywołujące te specyficzne zmiany, musiały działać również dalej na północy, być może w interiorze. Skamieniałe dowody (lub raczej ich brak) sugerują, że regionem „dalszego rozwoju" cech mongoloidalnych nie były Chiny, Japonia, Azja Południowo-Wschodnia lub Indie, co pozostawia nam tereny gdzieś w Azji Środkowej na północ od Himalajów, w Mongolii lub w rejonie Bajkału na południowej Syberii. Ponadto istnieje jedna szczególna południowa grupa syberyjska charakteryzująca się zespołem cech typu (Sundadont), odmiennie od reszty regionu, co sugeruje lokalną pozostałość typu przodków (rysunek 5.4).

DLACZEGO LUDY MONGOLOIDALNE TAK RÓŻNIĄ SIĘ WYGLĄDEM?

Istnieje kilka teorii na temat tego, jak i gdzie rozwinęły się cechy szkieletów mongoloidalnych. Musimy przede wszystkim powiedzieć, że wszystkie te teorie są wysoce spekulatywne i nawet sporne. Na domysłach są głównie oparte teorie dotyczące miejsca owego procesu, z powodu – jak wcześniej wspomniałem – całkowitego braku dowodów archeologicznych. Te próbujące odpowiedzieć na pytanie „jak" są także oparte na domysłach, gdyż nie ma dotąd sposobu na powiązanie poszczególnych zmian szkieletu

z określonymi sterującymi genami. Jednakże nie powinno to nas powstrzymywać przed przyjrzeniem się przynajmniej tym teoriom.

Niestety, jak w przypadku większości naukowych debat, kontrowersje zwykle prowadzą do podziałów na dwa przeciwstawne poglądy, podczas gdy prawda prawdopodobnie tkwi gdzieś pośrodku. Z teorii o pochodzeniu możemy wybierać między ojczyzną na południu i na północy, a wśród teorii na temat przebiegu procesu mamy adaptacyjną ewolucję fizykalną w odpowiedzi na zimno oraz prostą izolację i dryf genetyczny (między dwoma proponowanymi mechanizmami zmian istnieje pewne powiązanie, gdyż teorie adaptacyjne uznają zimną północną strefę adaptacji).

Dowody fizyczne i genetyczne, nowe i stare, wskazują, że geograficzny podział na północ i południe jest wyryty głęboko i obie społeczności mongoloidalne – północna i południowa – mogą być rzeczywiście rozdzielne. Badania krzywych wzrostu chińskich dzieci pokazują, że na przykład dzieci na południu w Hongkongu, choć dobrze odżywiane, są mniejsze niż ich rówieśnicy w Pekinie na północy. Fakt, że lepiej odżywiane dzieci z Hongkongu są wciąż mniejsze od tych z Pekinu, nawet po kilku pokoleniach prosperity i gwałtownego rozwoju gospodarczego, sugeruje istnienie systematycznej genetycznej różnicy między północą i południem[239].

CZY CECHY MONGOLOIDALNE SĄ REZULTATEM DRYFU, CZY SELEKCJI?

Łatwo jest przedstawić główną alternatywę rozwiązania problemu pochodzenia cech mongoloidalnych. Najprostszym rozwiązaniem (omawianym w poprzednim rozdziale) jest stwierdzenie, że niewielka, odizolowana od innych grupa założycielska dryfuje losowo w stronę określonego typu genetycznego lub fizycznego. Te kombinowane efekty założycielskie i wynikające z dryfu mogą być nasilone przez dobór płciowy. Aby posłużyć się absurdalnym uproszczeniem, wyobraźmy sobie, że w założycielskiej grupie mongoloidalnej, w naszym przykładzie pochodzącej z południa,

przypadkowo jest więcej ludzi z małymi niż z dużymi nosami. W rezultacie dążeń do określenia tożsamości grupy, lub może preferencji w doborze partnerów seksualnych, zadarte nosy (małe z zadartym do góry czubkiem) mogą stać się preferowanym typem fizycznym w tej grupie. Wzmocni to dryf w kierunku niewielkich nosów i w końcu wszyscy potomkowie tej grupy będą mieli bardzo małe nosy. Rezultatem dryfu będą także inne cechy genetycznie powiązane z małymi nosami, takie jak płaskie twarze.

Według innej teorii, starszej i być może budzącej nawet większe spory, pierwsi mongoloidzi adaptowali się do zmienionego i wrogiego otoczenia, w tym przypadku do znacznie zimniejszych i wietrznych azjatyckich stepów na północ od Himalajów. Ten pogląd ma długi rodowód, lecz najlepiej został wyartykułowany przez amerykańskiego biologa Dale'a Guthriego, który przekonująco opisał to, co nazwał mamucim stepem paleolitycznej Azji (*Mammoth Steppe of Palaeolithic Asia*). Mamuci step to w rzeczywistości rozległa, wysoko położona kraina traw, której centrum stanowi region Himalajów i Tybetu na północ od 35 równoleżnika, znana biologom również jako biom palearktyczny, skomplikowane zimne siedlisko, które mniej więcej 10 000 lat temu zaczęło bezpowrotnie zanikać, jako paradoksalny rezultat globalnego ocieplenia wraz z bogactwem wielkiej i małej fauny i flory[240].

Według Guthriego, wcześni ludzie rozumni zamieszkiwali w południowo-centralnej części tych stepów od Xinjiangu przez Mongolię po syberyjski region Bajkału. Są to tereny, na których teraz w większości rozciągają się pustynie. W czasach największego zasięgu mamuci step rozciągał się od atlantyckiego wybrzeża na zachodzie Europy po Hokkaido na wschodzie. Był to największy obszar traw, jaki kiedykolwiek na świecie istniał i służył niemal nieograniczonym stadom wielkich roślinożerców. Niektóre z nich przetrwały do dziś na mocno zredukowanym obszarze, zwykle w niewielkiej liczbie; należą do nich dzikie konie, renifery, woły piżmowe i suhaki, ale wielkie gatunki, takie jak mamuty włochate, bizony stepowe i nosorożce włochate, wyginęły.

To oczywiste, że mamuci step mógł być rajem dla myśliwych, którzy radzili sobie z dotkliwymi, zimnymi i suchymi wiatrami. Guthrie sugeruje, że ludzie paleolityczni, którzy żywili się tymi stepowymi stadami, dążyli do zamieszkania na cieplejszych południowych krańcach wokół 40 równoleżnika, gdzie było więcej leśnych wysp dających schronienie (rysunek 5.3). Jest pewne, że ludzie żyjący w tak niskich temperaturach potrzebowali ubrania. Guthrie i inni sugerowali pewną liczbę przystosowań fizycznych, które pomogłyby mongoloidom radzić sobie w tym surowym środowisku. Chodzi tu o podwójną górną powiekę i tłuszczową fałdę mongolską, redukujące utratę ciepła; lepiej izolujące podskórne poduszki tłuszczowe wokół oczu na policzkach, szczęce i podbródku; mniejszy, nieuwydatniony nos ograniczający ryzyko odmrożenia; bardziej krągłą głowę z niewieloma kątami powiększającymi utratę ciepła; niższą, przysadzistą budowę ze stosunkowo krótkimi kończynami; bardziej równomierne rozłożenie tłuszczu, co wraz ze zmianą proporcji kończyn zmniejsza o 10% stosunek powierzchni do objętości; bladą skórę jak u Europejczyków, pozwalającą na produkowanie odpowiedniej ilości witaminy D w celu zwalczania krzywicy; wzmocnioną reaktywność naczyń krwionośnych w kończynach, chroniącą przed odmrożeniami.

Choć lista Guthriego wygląda w sumie atrakcyjnie, wydaje mi się przeładowana i nie przekonuje mnie całkowicie argument o małych rozmiarach nosa. Wśród współczesnych Europejczyków i europejskich neandertalczyków – jak się zdaje – nastąpiła selekcja długonosych, gdyż długie nosy służą do ogrzewania i nawilżania powietrza przed jego dostaniem się do wrażliwych płuc. Wydaje się to przekonującym powodem selekcji długich nosów i – jeżeli ta opinia jest słuszna – taki wybór trafił się dwukrotnie. A zatem w jaki sposób również małe nosy miałyby się sprawdzać w zimnym klimacie? Eskimosi i, w mniejszym stopniu, Czukczowie z północno-wschodniej Syberii mają tak zwane perkate nosy – wystające z bardzo płaskiej górnej części twarzy[241]. To kolejne przystosowanie mongoloidów z dalekiej północy sugeruje, że niewielki nos był

szczególnie dobrym klimatyzatorem w miejscu pierwotnego pobytu, w Arktyce zaś wymagał modyfikacji.

Być może najsilniejszą częścią wewnętrznego dowodu (przez co rozumiem zgodność stopnia rzeczywistych, zaobserwowanych zmian z teoretycznie przewidywanym ich nasileniem) są adaptacje, które według Guthriego nastąpiły na północy – stosunkowo jaśniejsza skóra północnych mongoloidów oraz najbardziej ekstremalne zmiany fizyczne, takie jak spłaszczenie twarzy, obserwowane wokół Bajkału wśród starożytnych, jak również współczesnych społeczności[242].

Guthrie rozważa też, jak długo te adaptacje trwały i kiedy się rozpoczęły. Rozsądnie przyjmuje, że ostatnie maksimum zlodowacenia i zimna sprzed 20 000 lat było przyczyną większości zmian, ale sugeruje, że cały proces zaczął się daleko wcześniej, 40 000 lat temu. Na korzyść tego rozciągnięcia zmian w dłuższym okresie przemawia wspomniany wcześniej fakt pojawienia się ekstremalnych mongoloidalnych zmian twarzy, takich jak spłaszczenie, na zachód od Bajkału już w okresie przed zlodowaceniem (rysunek 5.3).

Pociąga mnie część teorii Guthriego dotycząca ewolucyjnego nacisku, ale mam problem z rzadkością, a wręcz brakiem fizycznych dowodów z wykopalisk. Pojawia się również generalne pytanie, w jaki sposób południowi mongoloidzi z tropikalnej Azji Południowo-Wschodniej osiągnęli swe cechy charakterystyczne, skoro uznajemy ich za potomków ludów zasiedziałych. Jeżeli wszystkie cechy wspólne północnych i południowych mongoloidów są przede wszystkim wynikiem przystosowania się do zimna, to zgodnie z teorią „z południa na północ", nie powinny występować u południowych mongoloidów. Jako anegdotę wspomnę, że moja droga żona, której przodkowie pochodzą z południowego wybrzeża Chin i zgodnie z klasyfikacją, jakiej tu używam, są południowymi mongoloidami, jest o wiele mniej odporna na zimno niż ja, co pozostaje w zgodzie z jej południowym pochodzeniem.

Jeżeli teorie „z południa na północ" oraz „przystosowania do zimna" są razem prawdziwe, musimy uznać, że początkowe zmiany mogły być spowodowane mechanizmem ewolucyjnym,

odmiennym niż przystosowanie do zimna, i część tych zmian została potem przez zbieg okoliczności wzmocniona w wyniku przystosowania do zimna.

NEOTENIA U LUDZI

Zgadzam się z wyjaśnieniem ewolucyjnej presji na północy autorstwa Guthriego, lecz również – na podstawie dowodów dentystycznych i genetycznych – patrzę przychylnym okiem na teorię początkowego przejścia z południa na północ. Istnieje pewne ewolucyjne zjawisko, które może połączyć obie teorie. Interesującą hipotezę wysunął przed wieloma laty paleontolog Stephen Jay Gould, twierdząc, że pakiet mongoloidalnych zmian anatomicznych można wyjaśnić fenomenem neotenii, polegającym na zachowaniu formy młodego osobnika w dorosłym życiu. Neotenia wśród hominidów jest wciąż jednym z najprostszych wyjaśnień, w jaki sposób tak szybko w ciągu minionych kilku milionów lat rozwinęliśmy nieproporcjonalnie wielki mózg. Stosunkowo wielki mózg i czaszka przesunięta do dołu w stosunku do kręgosłupa oraz brak włosów na ciele, cechy charakterystyczne dla ludzi, odnajdujemy u płodów szympansów. Gould, sugerując delikatną intensyfikację neotenii u mongoloidów, nazwał ją „pedomorfią”[243]. Taki mechanizm może dotyczyć tylko kilku genów kontrolujących i dlatego może się rozwinąć w stosunkowo krótkim okresie ewolucyjnym. Wyjaśniałby również niezrozumiały zadarty nos i stosunkowo znaczną utratę owłosienia twarzy.

Istnieje kilka niewykluczających się mechanizmów ewolucyjnych, dzięki którym pedomorficzni osobnicy produkowaliby więcej potomstwa w czasie oddziaływania dryfu lub selekcji. Jednym jest asocjacja z oszczędnymi genami, bardzo przydatna na zimnych stepach (zmniejsza niepotrzebną masę mięśniową, masę zębową, ogranicza grubość kości i zmniejsza wzrost). Potem następuje model selekcyjno-adaptacyjny ewolucji mongoloidalnej, wykorzystujący istniejące wcześniej cechy, jakie właśnie pojawiły się w populacji

reprezentantów typu Sundadont migrujących z południa wzdłuż wybrzeża. Także pedomorficzne kobiety mogły być wyżej cenione z powodu bardziej pociągającego wyglądu: to raczej hipoteza doboru seksualnego i dryfu, która przy dalszym nasileniu na północy doboru bądź dryfu mogła spowodować, że wcześniej istniejące cechy ostatecznie nadeszły z południa.

Moim zdaniem w rozwoju mongoloidów oba mechanizmy miały znaczenie. Mongoloidalne cechy południowe mogły się rozwinąć początkowo jako rezultat doboru płciowego i (lub) dryfu. Potem, gdy część tych ludzi przeszła do Azji Środkowej, mógł nastąpić dalszy rozwój w reakcji na ewolucyjną presję tak żywo opisaną przez Dale'a Guthriego. Zatem cechy mongoloidalne miały dwa niezależne mateczniki rozwoju. Ta wymyślona teoria nie ma żadnego bezpośredniego oparcia w badaniach, gdyż na razie jesteśmy dopiero u progu zrozumienia genów kontrolujących wzrost i formowanie się ciała, co pozwala na śledzenie wyłącznie najbardziej znaczących różnic wewnątrz naszego gatunku. Z drugiej strony śledzenie genetyczne może pomóc w poznaniu kierunku migracji.

CZTERY TRASY DO AZJI ŚRODKOWEJ

Jak przy wszystkich wcześniejszych eksploracjach, tak ludów archaicznych, jak i ludzi rozumnych, o tym, dokąd nowi mieszkańcy Azji udadzą się dalej, decydowały geografia i klimat. Zasady były proste: pozostawać w pobliżu wody i miejsc, gdzie deszcze są pewne; wędrując, unikać pustyń i wysokich gór, iść śladem zwierzyny łownej i wzdłuż rzek. Widzieliśmy już dowód poszlakowy, że trasa przeszukiwaczy plaż wzdłuż wybrzeża Oceanu Indyjskiego do Australii była opcją najłatwiejszą i najwcześniejszą. Dlaczego tak się miało zdarzyć? Nie było to łatwe: na starcie co sto kilometrów nasi wędrowcy musieli przekraczać ujście wielkiej rzeki. Musieli tego dokonać, aby dostać się do Australii, jest więc prawdopodobne, że powtórzyli ów schemat wzdłuż wybrzeża Azji Wschodniej. Przy

każdej rzece niektórzy mogli skręcić w lewo i skierować się w głąb lądu, wykorzystując w drodze to, co dają rzeka i zwierzyna łowna.

Marco Polo, jeden z pierwszych europejskich podróżników, przekonał się osobiście, że góry i pustynie stanowią straszliwe bariery dla wędrowców starających się dotrzeć do Azji Środkowej oraz że poza kilkoma wyjątkami jedynie szlaki wzdłuż dolin rzecznych umożliwiają dotarcie do celu. Widzieliśmy, że pierwsze uwieńczone powodzeniem wyjście z Afryki przeniosło przodków wszystkich nie-Afrykanów wzdłuż wybrzeża Oceanu Indyjskiego prawdopodobnie około 75 000 lat temu. Być może już na wczesnym etapie przeszukiwali plaże aż po wschodnie Chiny i Japonię. Musieli zatem obejść skrajem cały region Azji Środkowej. Na każdym etapie podróży mogli podejmować próby skierowania się w górę rzeki w głąb lądu.

W północnych Indiach Himalaje nie pozwalały na tak prosty ruch. Górskie szczyty i doliny, spiętrzone przez zamierzchłe zderzenie Indii z Azją, rozciągały się po obu stronach Nepalu i Tybetu, znacznie poza najwyższe Himalaje. Rozległe pasmo gór, każda powyżej 3000 metrów, zamyka dostęp z wybrzeża Oceanu Indyjskiego do Azji Środkowej na długości 6500 kilometrów od Afganistanu na zachodzie po Chengdu w Chinach na wschodzie. To pasmo pofałdowane jak dywan na wschodzie rozszerza górską barierę na południe w postaci ciągu grzbietów biegnących z północy na południe na długości około 2500 kilometrów, poczynając od Jedwabnego Szlaku w północnych Chinach i na Tajlandii kończąc.

Jedwabny Szlak, po raz pierwszy rozsławiony na Zachodzie przez Marco Polo, to stary trakt handlowy, który biegnąc od północy równolegle do Himalajów, łączy Zachód ze Wschodem. Biegnie na wskroś Azji Środkowej, dokładnie wzdłuż południowej krawędzi serca lądu, opisanego przez Guthriego mamuciego stepu. Był wówczas, tak jak i teraz, jedną z niewielu tras łączących Chiny z Zachodem z ominięciem długiej przybrzeżnej drogi na południu przez Singapur.

JEDWABNYM SZLAKIEM NA WSCHÓD Z ZACHODNIEGO KRAŃCA HIMALAJÓW

Dzisiaj Jedwabny Szlak biegnie zarówno północnym, jak i południowym skrajem pustyni Taklamakan w Xinjiangu. W paleolicie teraz pustynny teren był w większości bujną zieloną krainą z obfitością dróg wodnych, z rzekami Tarym i Dżungaria, dającymi myśliwym łatwy dostęp z zachodu na wschód, z zachodnich regionów Azji Środkowej: Tadżykistanu, Uzbekistanu i Kazachstanu do Xinjiangu i Mongolii. Tymi drogami wodnymi dawni ludzie dostawali się do Azji Środkowej[244].

Aby zobaczyć, jak to praktycznie wyglądało w epoce kamiennej, przyjrzyjmy się dostępowi do Azji Środkowej liczącą 8000 kilometrów trasą w górę Indusu, kończącą się w zachodnich Chinach na zachodnim krańcu Jedwabnego Szlaku. Załóżmy na chwilę, że mówimy o grupce pierwszych indyjskich przeszukiwaczy plaż. Po dotarciu w górę Indusu ich pierwszym zadaniem byłoby pokonanie rozciągających się na zachód aż do Afganistanu barier górskich na północ od Indii i Pakistanu. Obejście gór i przejście przez Afganistan zbyt daleko na zachód byłoby trudne, jeżeli nie niemożliwe, gdyż były to tereny niemal pustynne. Marco Polo przekroczył te pustynie, wychodząc z Hormuzu u ujścia Zatoki Perskiej, przeszedł przez Afganistan i Kaszmir i przez wysokogórską przełęcz dotarł bezpośrednio do miasta Kaszgar w Chinach, by ruszyć wzdłuż Jedwabnego Szlaku wprost do serca niegdysiejszego mamuciego stepu (rysunek 5.5).

Do Kaszmiru mógł dotrzeć o wiele łatwiejszą drogą. Z pakistańskiego wybrzeża nieco dalej na wschód wielki Indus wije się na północ do miejsca, skąd wiedzie droga wodna do Kaszmiru.

1. Kara Bom
2. Ust' Karakoł
3. Malta
4. Makarowo
5. Tołbaga
6. Warwarina Gora
7. Jaskinia Towarzystwa Geograficznego
8. Jaskinia Denisowa
9. Jaskinia Okładnikowa
10. Małaja Syja
11. Tongliang
12. Liujiang
13. Salawusu
14. Shuidonggou

Rysunek 5.5. Cztery paleolityczne szlaki do Azji Środkowej. Dostęp do Azji Środkowej zawsze ograniczały Himalaje, odbiegające od nich grzbiety górskie i różne pustynie. Możliwe trasy dostępu, głównie wielkie azjatyckie rzeki pokazane na rysunku, są objaśnieniem dla kolejnych map w tym i następnym rozdziale. Zaznaczono również najwcześniejsze osadnictwo.

Inny szlak do Azji Środkowej na mniejszych wysokościach wiódł również wodami Indusu. Przez przełęcz Chajberską do Kabulu i dalej do Uzbekistanu i Kazachstanu, by wreszcie skręcić na wschód do Xinjiangu.

NA ZACHÓD Z CHIN WZDŁUŻ JEDWABNEGO SZLAKU

W całej historii ludzkości Jedwabny Szlak był jedyną drogą prowadzącą z Chin na zachód do Azji Środkowej. Alternatywna trasa mogłaby prowadzić ze wschodnioazjatyckiego wybrzeża Pacyfiku do mamuciego stepu. Awangarda najwcześniejszych przeszukiwaczy plaż mogła po dotarciu do północnych Chin wyruszyć Jedwabnym Szlakiem na zachód do Mongolii, Xinjiangu i południowej Syberii.

NA PÓŁNOC Z BIRMY DO TYBETU

Trzecią drogą dostępu do mamuciego stepu jest, dziś rzadko używany, szlak na wschód od Himalajów. Wschodni kraniec Himalajów to liczne sfałdowania w miejscu, gdzie krawędź płyty indyjskiej starła się z kontynentem azjatyckim. Mapa na rysunku 5.5 pokazuje, że te sfałdowania stały się żlebami, którymi spływają wielkie rzeki Azji Południowej i Południowo-Wschodniej. Z zachodu na wschód mamy płynącą przez Bangladesz Brahmaputrę, dalej Saluin w Birmie, Mekong w Wietnamie i Jangcy w południowych Chinach. Po opuszczeniu Tybetu cztery wielkie rzeki płyną równolegle przez mniej więcej 150 kilometrów, w zaledwie kilkukilometrowej odległości od siebie. Jangcy rodzi się w północno-wschodnim Tybecie

w pobliżu północnego krańca płaskowyżu na skraju mamuciego stepu. Wspominam o tych rzecznych szlakach nie dlatego, że obecnie służą wielu kupcom, ale by wskazać, że pozwalają na bezpośredni dostęp do Tybetu, Mongolii i Azji Środkowej od strony czterech oddalonych od siebie ujść w Azji Wschodniej i Południowo-Wschodniej na wybrzeżach Oceanu Indyjskiego i Pacyfiku. Jak się przekonamy, Tybet pod względem genetycznym wiele łączy z Indochinami i Azją Południowo-Wschodnią.

NA WSCHÓD Z ROSJI

Istnieje w końcu jeszcze jedna, bardziej północna, warta rozważenia trasa migracji z Zachodu do Azji Wschodniej: przez rosyjską część Azji, zwaną Ałtajem Rosyjskim. Najłatwiejszy dostęp z Ałtaju Rosyjskiego do Azji Środkowej podczas łagodniejszych okresów późnej epoki kamienia 30 000–50 000 lat temu zapewniała trasa na wprost przez step. Podróżując na wschód przez południową Syberię przez ciąg jezior i szlaków wodnych, nasi starożytni wędrowcy docierali do okolic Bajkału trasą omijającą od północy Xinjiang i Mongolię. W tamtych czasach step pokrywały wszędzie trawy i z rzadka porastające lasy. Oczywiście ludzie ówcześni, aby skorzystać z tego szlaku, musieli wcześniej dostać się do Ałtaju Rosyjskiego. Jak się przekonamy, tam, nad Bajkał i do południowej Syberii dotarli już przed 40 000 lat.

***

Istniały więc cztery możliwe szlaki dostępu do Azji Środkowej: trzy z wybrzeża Indii i Pacyfiku (zachodni, południowy i wschodni) oraz jeden z Rosji (północno-zachodni). W samej Azji Środkowej pionierzy mogli postępować jednym z trzech równoległych szlaków biegnących ze wschodu na zachód wzdłuż cieków wodnych; dwa południowe wiodły przez Xinjiang i Mongolię, a trzeci, północny, przecinał

południową Syberię. Północny był dostępny w paleolicie jedynie podczas łagodniejszych okresów międzylodowcowych od 30 000 do 50 000 lat temu (zob. rozdział 3).

KIEDY PIERWSI LUDZIE ROZUMNI WĘDROWALI PO STEPIE?

Obecnie archeologiczne dowody istnienia ludzi rozumnych sprzed 40 000 lat na północ od Himalajów znajdujemy jedynie wzdłuż najbardziej północnego z trzech biegnących równolegle korytarzy. Południowa Syberia leży na północnym skraju faworyzowanego przez Guthriego, rozciągniętego w Mongolii i Xinjiangu serca mamuciego stepu. Ekscytujące najnowsze wykopaliska w jaskiniach Ust' Karakoł i Kara-Bom w Ałtaju Rosyjskim (rysunek 5.5) wskazują, że nowa kamienna technologia górnego paleolitu dotarła tam dawniej niż 43 000 lat temu. Nieco późniejszy od tych ałtajskich znalezisk wiek, 39 000 lat temu, wyznaczono dla stanowiska archeologicznego z górnego paleolitu w Makarowie po zachodniej stronie Bajkału. Na okres sprzed 30 000 i 35 000 lat są datowane stanowiska: Warwarina Gora i Tołbaga po wschodniej stronie Bajkału oraz Małaja Syja znacznie dalej na północ w pobliżu Jeniseju. Oznacza to, że przejście do górnego paleolitu nastąpiło na południu Syberii przynajmniej równie wcześnie jak w Europie[245].

Belgijski archeolog Marcel Otte sugerował ostatnio, iż północne rejony gór Zagros w Iranie i Iraku były centrum narodzin technologii górnego paleolitu, skąd rozprzestrzeniła się na północny zachód do Lewantu i Europy oraz na północny wschód do Azji Środkowej i Ałtaju Rosyjskiego, prawdopodobnie wzdłuż drogi opisanej przez Marco Polo lub wcześniej przez Kaukaz.

CZY KAMIENNE NARZĘDZIA MOGĄ NAM POWIEDZIEĆ, JACY LUDZIE PIERWSI DOTARLI DO AZJI ŚRODKOWEJ?

Pojawienie się technologii górnego paleolitu zostało powszechnie uznane za sygnał obecności pierwszych ludzi rozumnych na Bałkanach i dalej na zachód w Europie i posłużyło za wyróżnik ich postępów wśród neandertalczyków posługujących się tam od kilkuset tysięcy lat narzędziami ze środkowego paleolitu (zob. rozdział 3). Może to sugerować równoległe przybycie ludzi rozumnych, władających tą samą technologią górnego paleolitu, do Ałtaju przynajmniej 43 000 lat temu z regionu Zagrosu na południu. Jednakże, jeżeli technologia górnego paleolitu nie jest warunkiem *sine qua non* potwierdzającym obecność ludzi rozumnych w Azji, mogli oni przybyć do Ałtaju Rosyjskiego nawet wcześniej.

Z kilku powodów trzeba bardzo ostrożnie datować pojawienie się ludzi rozumnych gdziekolwiek w Azji. Po pierwsze, choć górnopaleolityczna technologia obróbki kamienia jednoznacznie potwierdza obecność ludzi rozumnych w Europie, to, jak widzieliśmy w Lewancie i Azji Południowo-Wschodniej, nie była jedyną technologią przez nich stosowaną, więc nie może nam pomóc w określeniu pierwszego ich przybycia gdziekolwiek. Z górnego paleolitu pochodzi cały zbiór innowacji, z których pierwsze znajdują potwierdzenie w wykopaliskach sprzed 45 000–50 000 lat i są szczególnie związane z północną i zachodnią Eurazją. Wcześni ludzie rozumni używali kilku różnych, starszych technik, łącznie z pochodzącymi ze środkowego paleolitu tradycjami podobnymi do neandertalskich. Jaskinie w Ałtaju Rosyjskim, a zwłaszcza Kara-Bom, także ujawniają tradycje środkowopaleolityczne tkwiące pod warstwami oryniackimi górnego paleolitu, datowane na 62 000–72 000 lat temu. Te niższe warstwy trudno przypisać bądź ludziom rozumnym, bądź archaicznym (takim jak neandertalczycy), ponieważ mogły być wytworami jednych lub drugich, a brakuje szczątków pozwalających na identyfikację wytwórców. Nigdy nie znaleziono żadnych szczątków neandertalczyków tak daleko na północy jak w Ałtaju Rosyjskim, choć odkrywano je o wiele dalej na południowy zachód w Teszyk-Tasz w Uzbekistanie w Azji Środkowej. Kluczowe jest pytanie, czy starsze warstwy ze środkowego paleolitu wskazują na ciągłe, stopniowe zmiany lokalne prowadzące do nowszych technologii, czy też górny paleolit był zewnętrznym wtrętem. To

ostatnie zdaje się możliwe, zwłaszcza w kwestii technologii oryniackiej. Być może zatem warstwy z wcześniejszego środkowego paleolitu sprzed 60 000–70 000 lat z jaskini Kara-Bom reprezentują nawet wcześniejsze zasiedlenie Ałtaju przez ludzi rozumnych[246].

Drugim powodem do zachowania ostrożności jest fakt, że aż do ostatnich czasów jedynie pobieżnie zajmowano się porządkiem czasowym śladów paleolitycznych z Xinjiangu, Tybetu i terenów położonych na południe od Mongolii. Nie z powodu braku szczątków paleolitycznych, lecz przynajmniej częściowo dlatego, że większość z nich nie została datowana. Ostatni raport polowy z Mongolii sugeruje, że środkowopaleolityczna tradycja sięga zapewne 60 000 lat wstecz. W innym raporcie znajdujemy sugestie istnienia w Tybecie dwóch odrębnych (mikrolitycznych) tradycji górnego paleolitu: północnej i południowej, powiązanych odpowiednio z ludami i tradycjami narzędzi kamiennych z północy i południa Chin. Datowania są tak niepewne, gdyż wiele znalezisk leżało na powierzchni (w takim przypadku brakuje kontekstu i stratyfikacji, podstawowych w procesie datowania archeologicznego).

Mamy zatem bardzo jasny dowód archeologiczny rozprzestrzeniania się technologii górnego paleolitu równolegle, lecz dalej na północ na wskroś południowej Syberii, poczynając od Ałtaju Rosyjskiego przed 43 000 lat. Z drugiej strony Azja Środkowa z południowym sercem mamuciego stepu została wcześniej zasiedlona przez ludzi, ale nie mamy żadnych archeologicznych dowodów pozwalających na ich identyfikację. Jak wkrótce zobaczymy, dowody genetyczne z Azji Północnej wskazują na przybycie ludzi rozumnych do północno-zachodniej Azji wcześniej niż 40 000 lat temu. Północnoazjatycka kultura górnego paleolitu miała koniec końców cechy wspólne z bogatą grawecką kulturą łowców mamutów z położonych dalej na zachód terenów Europy Środkowej i Wschodniej, o czym świadczy sztuka odkryta we wsi Malta w pobliżu Bajkału sprzed 23 000 lat[247].

GENETYKA

Przejrzałem dowody archeologiczne potwierdzające obecność wczesnych ludzi rozumnych w Azji Środkowej oraz w trzech punktach wejściowych z wybrzeża do jedynych korytarzy prowadzących do Azji Środkowej, Jedwabnego Szlaku i centrum mamuciego stepu Guthriego. Te trzy bramy wejściowe to północno-zachodnia Azja, Indochiny i północno-wschodnie Chiny. Dotąd niewiele wspomniałem o dowodach genetycznych, a jest ku temu szczególny powód. Drzewo mtDNA i znaczników chromosomów Y o wiele lepiej sygnalizuje starożytne migracje molekuł niż datowanie wędrówek lub identyfikowanie tak zwanych ras lub grup etnicznych. Dlatego, jeżeli tylko jest to możliwe, lepiej sprawdzać, na jakie trasy migracji zezwalają geografia, archeologia i klimat, by dopiero potem zbadać, w jakim stopniu te ustalenia zostaną poparte przez badania genetyczne.

WYRAŹNY PODZIAŁ AZJI WSCHODNIEJ NA PÓŁNOC I POŁUDNIE

Jak pisałem w rozdziale 2, po początkowym rozproszeniu się ludzi rozumnych po wyjściu z Afryki regiony Starego Świata i południowo-zachodniego Pacyfiku zostały zasiedlone, a międzyregionalny przepływ genów był wówczas minimalny bądź żaden aż do nasilenia podczas ostatniego wielkiego zlodowacenia 20 000 lat temu. Azja, niezależnie od swej historii masowych ruchów, nie jest wyjątkiem od tej zasady. Pewien szeroki genetyczny podział Azji stał się jasny dla genetyków jeszcze przed skupieniem uwagi na znacznikach mtDNA i Y. Jak oczekiwano, rejony kaukaskie zachodniej Eurazji były zgrupowane razem z pewnym wzajemnym przekryciem z subkontynentem indyjskim.

Wystąpiło wyraźne odseparowanie Eurazji Wschodniej, która z kolei rozszczepiła się na północ i południe, zgodnie z północno-południowym podziałem mongoloidów. Z punktu widzenia ludzkiego pochodzenia możemy zatem wyróżnić Azję Południowo-Wschodnią (z południowym wybrzeżem Chin i prowincjami Guangdong, Guangxi i Fuijan) i Azję Północno-Wschodnią (z północnymi Chinami i ich

wschodnim wybrzeżem, Koreą, Mongolią, Tybetem i częścią Syberii) oraz jedną grupę na dalekim północnym wschodzie Azji, pośrednią między rasą kaukaską i północnymi mongoloidami.Takie badania niewiele pomogły w śledzeniu pochodzenia, ale dowiodły, że dotąd istnieją znaczniki ukazujące regionalne różnice nawet wewnątrz stanowiącej w Chinach większość tak zwanej etnicznej grupy Han, która również pokazuje jasno różnice między północą i południem. Te badania również grzebią pewne mity na temat genetycznego pochodzenia Chińczyków. Na przykład powszechnie zakładano masową ekspansję społeczności Han z północy na południe w ostatnich tysiącleciach władzy cesarskiej, połączoną z przenikaniem, wysiedlaniem i zastępowaniem masy miejscowych mniejszości na południu. Jednakże ostatnie badania historyczne pokazują, że na południu Chin z pragmatycznych powodów politycznych przez kilka ostatnich stuleci miejscowa ludność przyjmowała i syntetyzowała tożsamość Han[248]. Sugeruje to, że znaczna część migracji historycznych chińskich społeczności była raczej formalna niż rzeczywista, co potwierdza opinię, iż regionalne społeczności chińskie były w ciągu minionych kilku tysięcy lat bardziej stabilne, niż poprzednio zakładaliśmy.

W odpowiedzi na pytanie o pochodzenie mongoloidów pomóc może rozważenie różnorodności. Zgodnie z ogólnymi zasadami darwinowskimi, nowe gatunki (lub w tym przypadku nowe grupy etniczne rozwijające się z niewielkich społeczności) powinny mieć jedno centrum pochodzenia cechujące się wielką różnorodnością typów (na przykład genetycznych) wewnątrz jednej grupy. Tymczasem bez względu na zastosowany system genetyczny południowi mongoloidzi zawsze wykazują większą genetyczną różnorodność niż północni. Odwoływano się już do analizy choromosomu Y jako dowodu mającego uprawomocnić umiejscowienie ojczyzny mongoloidów na południu[249]. Choć zdaje się to przydatne, przyjęcie tak uproszczonego podejścia do różnorodności zastawia dwie potencjalne pułapki. Po pierwsze, żadna linia genetyczna ani żaden używany znacznik nie zostały jasno zdefiniowane jako „mongoloidalne”. Taka ich interpretacja wynika

z prostego wnioskowania na podstawie miejsca, gdzie zostały znalezione, więc przy ich stosowaniu istnieje częściowe niebezpieczeństwo powstania zamkniętego koła. Po drugie, Azja Północna w przeciwieństwie do tropikalnej Azji Południowej powinna doświadczyć wielkiego wyludnienia, wielkiego wymarcia i dryfu genetycznego podczas ostatniego zlodowacenia, po czym moglibyśmy się spodziewać niewielkiej różnorodności na dzisiejszej północy, co jednak może niekoniecznie odpowiadać rzeczywistości.

Skrajnie hipotetyczne spojrzenie na efekty ostatniego zlodowacenia w Azji Środkowej i Północnej przedstawia całą Azję na północ od Himalajów kompletnie wyludnioną, co oznacza, że dzisiejsze populacje musiały w całości być efektem rekolonizacji z południa Chin, Azji Południowo-Wschodniej i Europy. Oczywiście oznaczałoby to niemożność poznania kiedykolwiek oryginalnej genetycznej kompozycji Azji Północnej. Nie jest to opinia niemożliwa do obrony. Po pierwsze, badania paleoklimatologiczne wskazują, że podczas epoki lodowcowej w Azji Środkowej przetrwały rozległe regiony stepowej tundry, co mogło być oparciem dla łowców. Stoją za tym archeologiczne świadectwa nieprzerwanego zasiedlenia podczas ostatniego szczytu zlodowacenia (zob. rozdział 6). Dale Guthrie jest zdecydowanym przeciwnikiem twierdzenia o całkowitym wyginięciu na południu centralnej części mamuciego stepu. Po drugie, jak się przekonamy, taki obraz rzeczy nie potrafi wyjaśnić głębokiej różnorodności genetycznej Azji Środkowej (Uzbekistanu i Kirgistanu) ani wyraźnego geograficznego rozróżnienia gałęzi linii genetycznych na północy i południu Azji. W szczególności, jak pokażę, mamy grupę linii zachowujących wciąż wspólne cechy w północnej Europie, północnej Azji i północnej Ameryce, lecz bez żadnych powiązań z południowymi Chinami lub Azją Południowo-Wschodnią.

TWORZENIE MAPY ROZGAŁĘZIEŃ DRZEWA GENETYCZNEGO

Tak jak w przypadku historii wyjścia z Afryki, odpowiedź będzie jaśniejsza, gdy spojrzymy na znaczniki Adama i Ewy. Wielki postęp,

jaki przyniosło mapowanie drzew mtDNA i chromosomu Y, pozwolił na śledzenie pojedynczych gałęzi molekularnych i wyrastających z nich gałązek jak winorośli pnącej się z jednego regionu do następnego. Tę grę odkrywania śladów nazwano filogeografią, ale w najprostszy sposób możemy ją opisać jako śledzenie od drobnych gałązek wstecz do gałęzi i łączenie punktów na mapie.

Zasady są proste, ale ich zastosowanie może być skomplikowane. Aby prześledzić migrację z jednego regionu do innego, potrzebujemy odnaleźć typ gałęzi źródłowej w obu regionach i nową unikatową gałązkę w regionie docelowym, której brakuje w regionie pochodzenia. W przypadku regionu pochodzenia (ojczyzny) z licznymi migracjami w różnych kierunkach musimy zidentyfikować gałęzie wspólne w ojczyźnie z unikatowymi, *różnymi* odrostami w innych regionach. Zapewne jeden z najlepiej znanych i najwcześniejszych przykładów takiego podejścia został opublikowany przez włoskiego genetyka Antonia Torroniego i jego kolegów w 1993 roku. Zidentyfikowali czterech amerykańskich założycieli linii mtDNA, których oznaczyli literami od A do D. Każdą z tych czterech rozkrzewionych gałązek, choć w nowy, unikatowy sposób kiełkowała w Ameryce, można było prześledzić wstecz do równoważnych gałęzi źródłowych A, B, C i D w Azji (zob. rozdziały 6 i 7).

Możemy zastosować tę metodę do znacznie trudniejszego zadania identyfikacji ojczyzny mongoloidów w Azji. Weźmy na początek wschodnioazjatycki mtDNA, który jest obecnie podzielony na dziewięć dobrze opisanych głęboko rozdzielonych gałęzi (haplogrup, rysunek 5.6); oznaczono je A–G, X i Z. Z wyjątkiem siostrzanych grup C i Z, żadna z dziewięciu nie może pochodzić od którejkolwiek innej; wszystkie wyrastają mniej więcej bezpośrednio z dwóch eurazjatyckich linii założycielskich Manju i Nasreen. Ostatnio opisano kilka innych pomniejszych grup (M7/M10 i N9), ale ich istnienie nie zmienia argumentacji.

Z dziewięciu lepiej znanych wschodnioazjatyckich gałęzi mtDNA trzy (C, X i Z; rysunek 5.6) występują jedynie na północ od biegnącej ze wschodu na zachód linii nakreślonej poniżej Himalajów, podczas gdy pozostałe sześć (A, B, D, E, F i G)

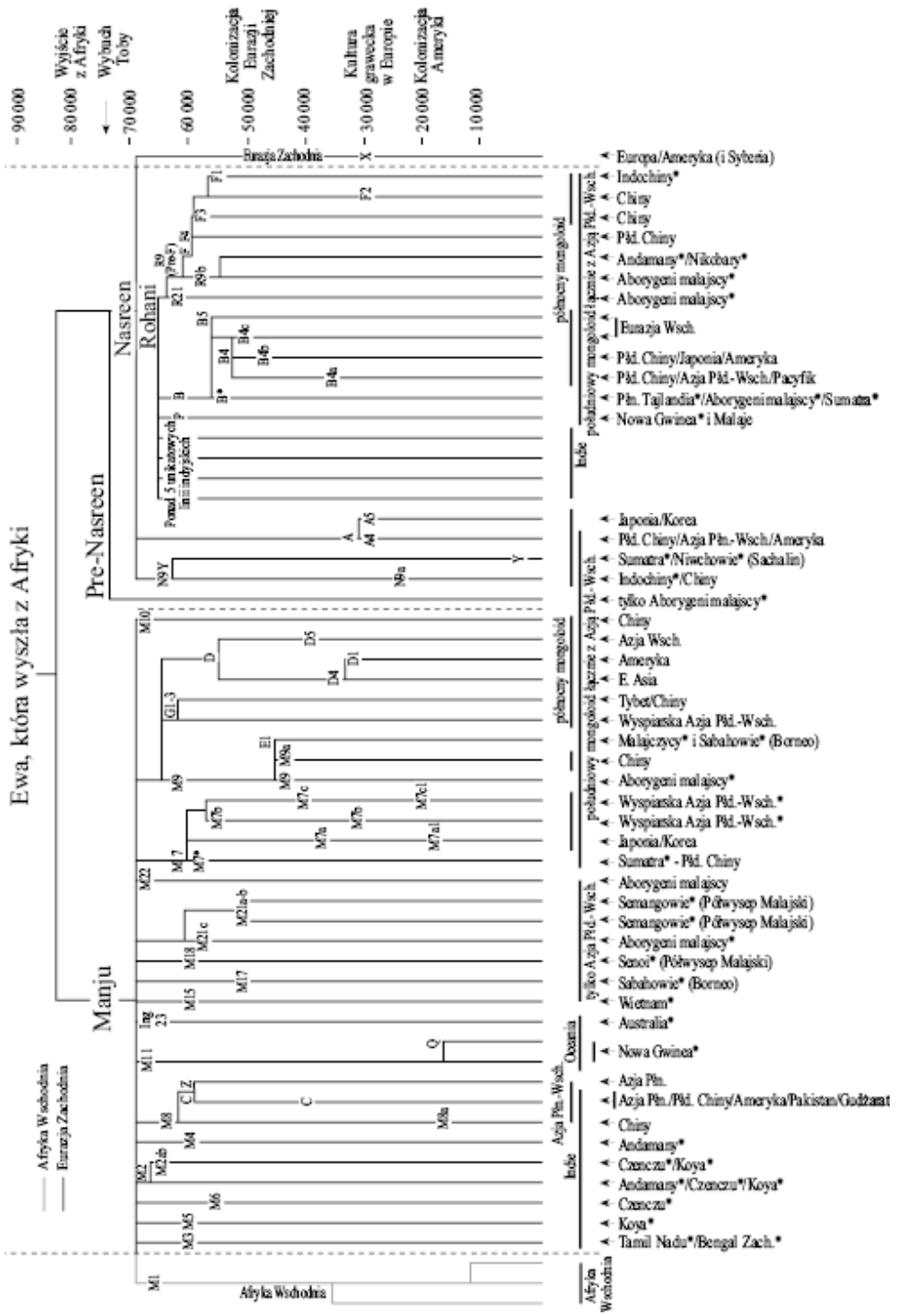
znajdujemy wśród *obu* grup: mongoloidów północnych i południowych. Z początku mogłoby się wydawać, że unikatowe północne gałęzie mogą świadczyć o położeniu ojczyzny mongoloidów na północ od Himalajów, lecz istnieje prostsze wyjaśnienie. Otóż C i blisko z nią spokrewniona siostrzana Z oraz tajemnicza grupa X nie należą do wczesnej historii mongoloidów, lecz wmieszały się wśród północnych mongoloidów z zewnątrz, na przykład z Syberii lub Azji Środkowej. Jak potem zobaczymy, istnieją dowody na poparcie tego stwierdzenia, a dystrybucja i drzewo struktury pozostałych sześciu linii zdają się potwierdzać umiejscowienie genetycznej ojczyzny na południe od Himalajów, zwłaszcza w przypadku najstarszych gałęzi B i F. Wygląda więc na to, że mamy kilka genetycznych źródeł wśród południowo-wschodnich Azjatów, którzy rozprzestrzenili się na północ. Dla kontrastu, wśród północnych Azjatów występuje kilka gałęzi, które nie mają korzeni w Azji Południowo-Wschodniej. Dlatego przy zgrubnym opisie gałęzi ideę południowej ojczyzny i następujących stamtąd migracji na północ mogłyby wspierać żeńskie linie genetyczne i byłaby ona zgodna z przechodzeniem typu Sundadont w Sinodont (zob. rozdział 5).

Chcąc skupić uwagę na prawdopodobnym wtórnym regionie dalszego rozwoju tych grup, musimy przyjrzeć się geograficznemu położeniu obszarów, na których znajdujemy wszystkie sześć gałęzi mitochondrialnych A, B, D, E, F i G, powszechnych tak wśród północnych, jak i południowych mongoloidów. Idąc z zachodu na wschód, znajdujemy w Azji Środkowej pięć (bez G), w Tybecie wszystkie sześć, w Mongolii pięć (bez E), w Chinach cztery (bez E i G) i w Korei pięć (bez E) gałęzi[250].

Zapewne w znacznej mierze nie jest sprawą przypadku, że krainy z proporcjonalnie większą liczbą linii powiązanych z ludami mongoloidalnymi – Azja Środkowa, Tybet, Mongolia i Korea – „siedzą okrakiem” na 40 równoleżniku równoległym do mamuciego stepu Dale’a Guthriego (rysunek 5.3).

Na tej podstawie możemy zapytać, od jak dawna te gałęzie istnieją wokół 40 równoleżnika. Toomas Kivisild szacuje lokalny wiek czterech z tych linii w Mongolii w sposób, jak się zdaje, spójny: A na

35 000 lat, B na 40 500 i 35 000 lat (zob. poniżej), D na 44 500 lat i F na 42 000 lat. To w większości znacznie mniej od wieku tych samych linii w dalszej, południowej części Chin. I ponownie mamy tu zgodność z datami początków zasiedlenia Azji Środkowej w okresie po poprawie azjatyckiego klimatu 52 000 lat temu (zob. rozdział 3), która pozwoliła na wczesną penetrację Azjatów daleko w głąb mamuciego stepu[251].



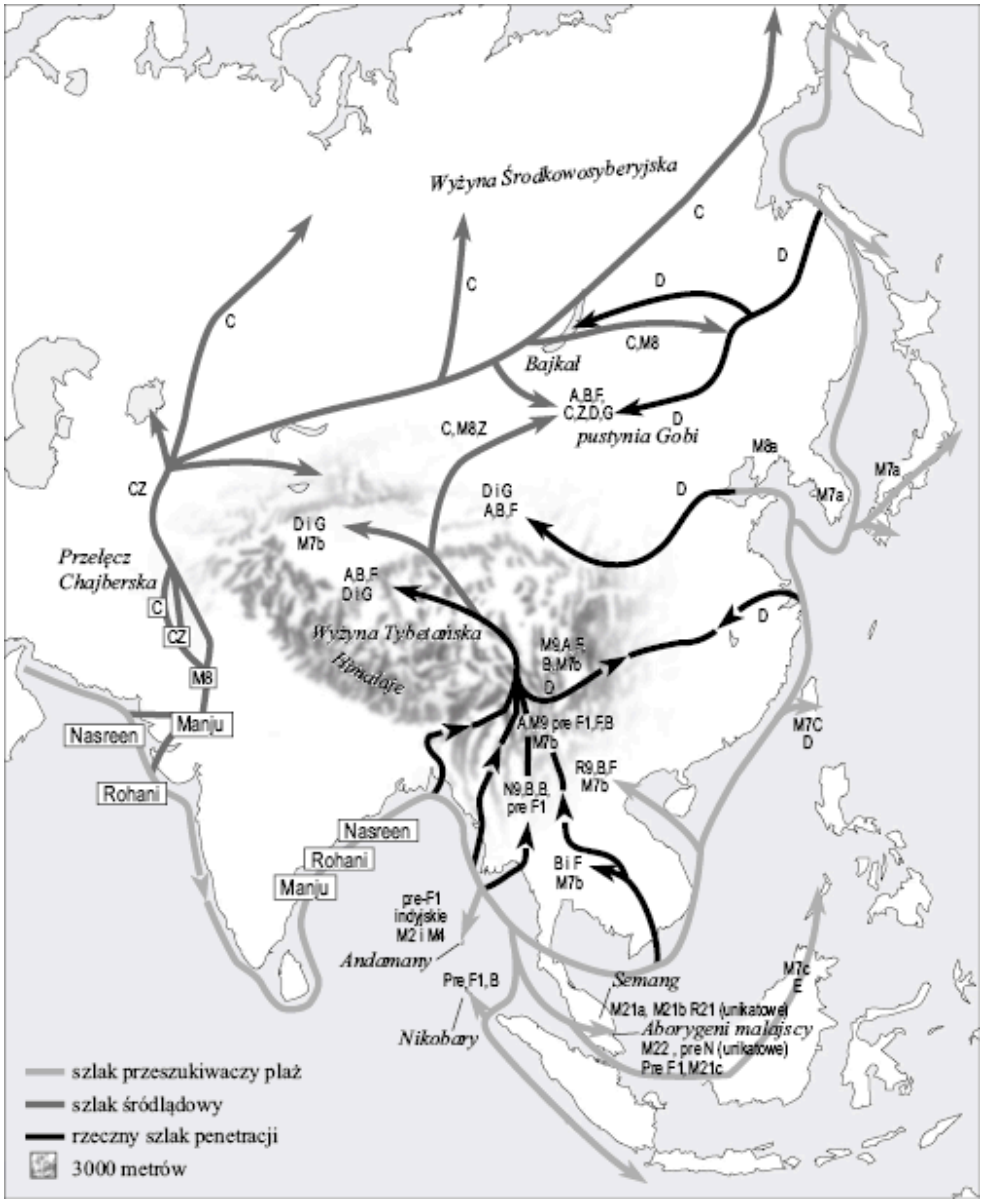
Rysunek 5.6. Drzewo mtDNA Azji i Pacyfiku. Uwaga: 1) nie ma przekrywania podgałęzi M i N między Indiami i Azją Wschodnią z wyjątkiem klanu M8/CZ, który przeszedł do Azji Północnej; 2) Oceania i Azja Południowo-Wschodnia cechują się unikatową lokalną różnorodnością związaną z ich grupami aborygeńskimi; 3) istnieje szerokie przekrywanie linii grup mongoloidalnych północy i południa, ale

południowcy, łącznie z Aborygenami, mają kompletny zestaw, na północy zaś jest mniej linii, a do tego więcej pochodnych.

Jakimi szlakami ludzie rozumni ruszyli do tego regionu? Wracając do dwóch najstarszych południowo-wschodnich linii azjatyckich, które jak się okazało, rozprzestrzeniły się z Azji Południowo-Wschodniej do Tybetu, Mongolii i na północny wschód wzdłuż wybrzeża Pacyfiku, widzimy, że w głębi lądu zatrzymały się po przebyciu niewielkiej odległości na Syberii i w Azji Północnej[252]. Pod tym względem dystrybucja grup B i F jest odbiciem starożytnego rozmieszczenia przedstawicieli typu Sundadont. Zarówno B, jak i F osiągnęły największe zróżnicowanie wśród aborygeńskich grup etnicznych Tajlandii, Wietnamu i Kambodży, co wskazuje na indochińskie położenie ich ojczyzny.

Silnym dowodem wspierającym południowe pochodzenie grupy F jest świeżo zidentyfikowana grupa pre-F (R9), powszechna wśród Aborygenów malajskich na Półwyspie Malajskim (u podstawy promieniowania typu Sundadont – rysunki 5.6 i 5.7). Grupę pre-F znajdujemy również w południowych Chinach (Yunnan i Guangxi), Indochinach (Tajlandia i Wietnam), na Sumatrze, Andamanach i Nikobarach, co sugeruje możliwe najstarsze powiązanie z pierwszymi przeszukiwaczami plaż w Azji Południowo-Wschodniej[253].

Wiedząc, czy grupa B w rzeczywistości rozprzestrzeniła się na zachód z Chin do Mongolii wzdłuż Jedwabnego Szlaku, czy też przeszła na północ z Birmy przez Tybet, moglibyśmy poznać trasę pierwszego zasiedlenia, które zapewne nastąpiło nie później niż 50 000 lat temu. Mamy kilka kluczy prowadzących do rozwiązania. Toomas Kivisild szacuje wiek dwóch wspólnych podgrup B w Mongolii na 40 500 lat (B1) i 33 500 lat (B2). Sugeruje to, że choć Mongolia i części zachodnie Azji Środkowej mogły zostać zasilone przez obie grupy w okresie paleolitu, starsza z tych linii mogła dotrzeć przez Tybet, zaś młodsza przejść na zachód do Azji Środkowej z wybrzeża Pacyfiku, gdzie teraz dominuje[254].



Rysunek 5.7. Pierwsze wkroczenie linii mtDNA do Azji Środkowej od strony wybrzeża Oceanu Indyjskiego i Pacyfiku. Trasy przejścia z grubsza odpowiadają linii rzek pokazanych na rysunku 5.5 oraz przebiegowi Jedwabnego Szlaku w Azji Środkowej. Z wyjątkiem linii M8/C/Z, która wchodzi na zachód od Himalajów, wszystkie pozostałe pochodzą z Azji Południowo-Wschodniej.

Mamy także trzy częściowo spokrewnione linie Manju: D, E i G, których rozkład w Azji Wschodniej narasta z południa na północ jak w przypadku typu Sinodont. Dowody genetyczne sugerują ich wspólne pochodzenie z południa. Nadal zagadką pozostaje, skąd na

początku nadeszli zewnętrzni założyciele rodu mongoloidalnego, który zasiedlił mamuci step (C, X i Z) i z którego z trzech możliwych korytarzy dostępu do mamuciego stepu skorzystali. Te trzy północne linie eurazjatyckie są bardzo rzadkie na południe od Himalajów. Siostrzane gałęzie C i Z osiągnęły największą liczebność na Syberii i w Azji Północno-Wschodniej, a trudno je znaleźć dalej na południu poza Indiami, Mongolią, Azją Środkową i Tybetem. Rozciągają się szerokim kontinuum ze wschodu na zachód przez step azjatycki, osiągając znaczne wartości w Azji Środkowej, a nawet tak daleko na zachód jak w Turcji. Grupa C trafiła nawet przez Alaskę do Ameryki, a jej północny rozkład w Azji Wschodniej sugeruje, że nie mogła dotrzeć na północ z Azji Południowo-Wschodniej przez Chiny. Przybyła raczej z położonej dalej na zachód części Azji wraz z rozprzestrzeniającą się na wschód technologią górnego paleolitu, która pojawiła się w Kara-Bom w Ałtaju Rosyjskim przed 43 000 lat. Należą one do grupy Manju i ich ostateczni przodkowie pochodzący z Pakistanu i Indii przeszli doliną Indusu przez Kaszmir lub Afganistan wokół zachodniego krańca Himalajów (rysunki 5.5 i 5.6). To wszystko sugeruje dotarcie na stepy azjatyckie między 40 000 a 50 000 lat temu z zachodu Azji Środkowej (rysunek 5.7). Z koncepcją rozprzestrzeniania się C i Z na wschód na wskroś stepu wraz z technologią górnego paleolitu zgadza się wiek C w Mongolii szacowany przez Toomasa Kivisilda na 42 000 lat[255].

Ostatnią z północnych linii, X, znajdujemy wyłącznie wśród Europejczyków i rdzennych Amerykanów, z pojedynczymi przypadkami odnotowanymi na południowej Syberii, ale połączenie Starego Świata z Nowym nastąpiło przed 30 000 lat. Sugeruje to, że X musiała się pierwotnie rozprzestrzenić wprost przez Azję Środkową i Północno-Wschodnią wraz z kulturą łowców mamutów, lecz wyginęła prawie całkowicie w Azji podczas ostatniego zlodowacenia, przeżywszy jedynie na skrajach swego zasięgu w Ameryce i Europie (zob. rozdział 7)[256].

Opisany powyżej skomplikowany obraz mitochondrialny sugeruje, że mongoloidzi przybyli głównie z południa, podczas gdy ludy Azji Środkowej głównie z Azji Zachodniej, łącząc się ze wschodnimi

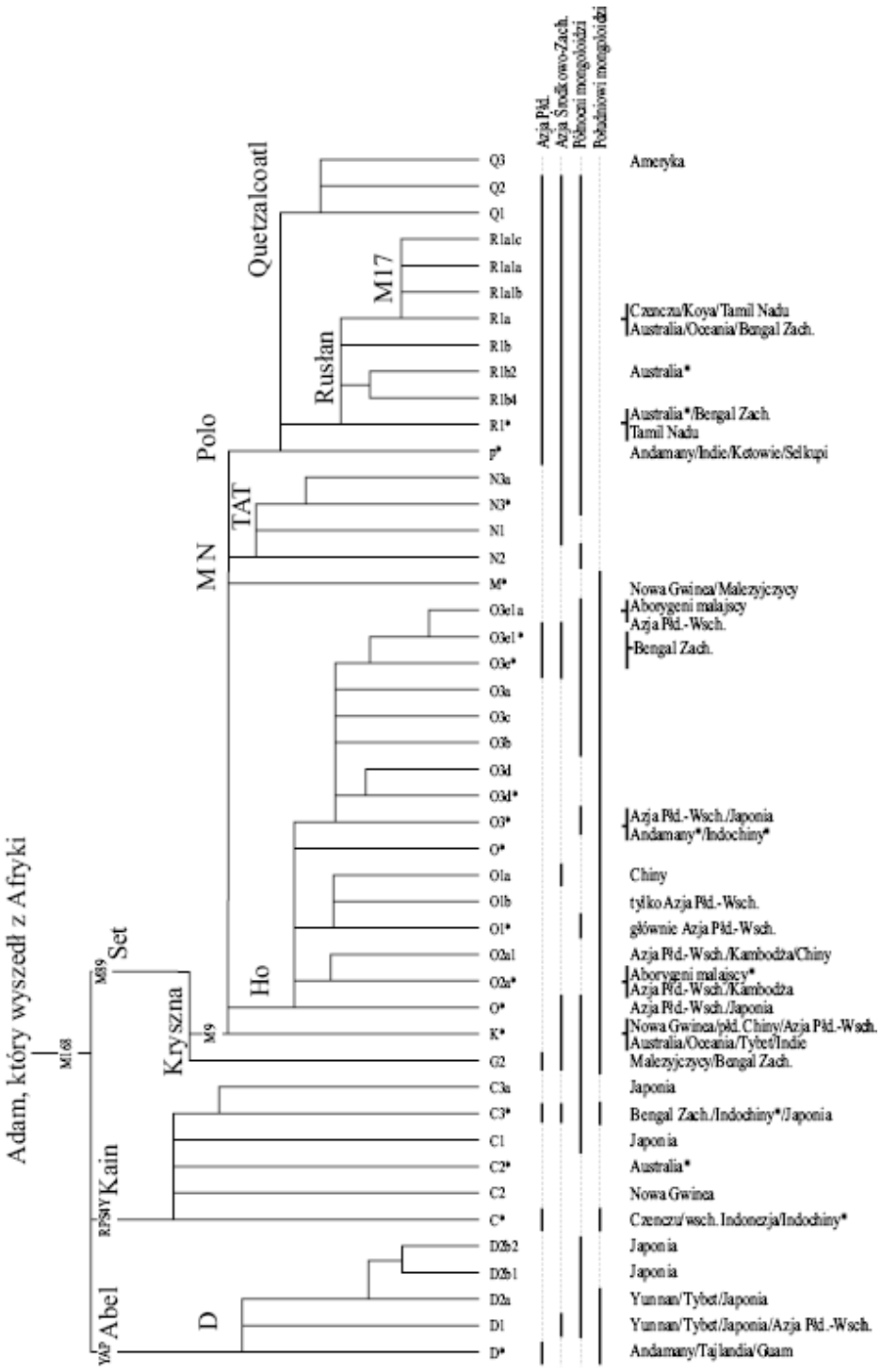
i południowo-wschodnimi Azjatami wywodzącymi się z Azji Środkowej i Północno-Wschodniej. Dowody genetyczne potwierdzają geograficzną teorię o trójdrożnej kolonizacji Azji Środkowej z wybrzeża Oceanu Indyjskiego i Pacyfiku, do której doszło dawniej niż około 40 000–50 000 lat temu. Rozdzielenie odmiennych, wymieszanych dopływów genetycznych w Azji Północno-Wschodniej pozostaje zgodne z koncepcją pierwotnego pochodzenia ludów mongoloidalnych z Azji Południowo-Wschodniej, co więcej, tę koncepcję objaśnia.

HISTORIA ADAMA

Teraz, poznawszy dowody, jakie daje mtDNA, zbadamy tę samą azjatycką historię, odszukując na drzewie chromosomu Y ślady kilku wejść do Azji Środkowej, co pozwoli nam uzyskać bardziej kontrastowy obraz. Drzewo Adama jest pod wieloma względami naukową nowością. Brakuje dotąd wielu unikatowych gałązek z drzewa życia Ewy, ponadto datowanie gałęzi chromosomów Y wciąż nie jest wiarygodne. Dlaczego więc zwracam się do Adama, by wesprzeć historię opowiedzianą już znacznie lepiej przez Ewę? Ponieważ chromosom Y tam, gdzie staje się rozpoznawalny i użyteczny, okazuje się najwyraźniej dopasowany do wzorów regionalnych. Widzieliśmy już dobry przykład tego zjawiska w zaludnianiu Europy (zob. rozdział 3), gdzie różne klany ojcowskie cechowała o wiele większa klarowność niż klany żeńskie. Te ostatnie, choć zachowały regionalną strukturę, miały raczej znacznie bardziej rozmazany rozkład. Obserwacja ta sprawdza się również w Azji. Drzewa tak Adama, jak i Ewy sugerują, że Azja Środkowa i Ameryki mają północno-zachodnie, wschodnie i południowo-wschodnie azjatyckie pochodzenie, lecz rozdzielenie linii założycielskich ludów mamuciego stepu jest znacznie lepiej widoczne w drzewie Adama. Aby to lepiej zrozumieć, musimy pokrótce przypomnieć trzy główne linie założycielskie Adama po wyjściu z Afryki: Abel (YAP lub Ml45), Kain (lub RPS4Y) i Set (lub M89)[257] (rysunek 5.8).

Kain to linia, która energicznie powędrowała na południowy wschód wzdłuż wybrzeża Oceanu Indyjskiego, by stać się pierwszym męskim założycielem rodów we wschodniej Indonezji, w Australii i na Nowej Gwinei. Przeszukiwacze plaż nie ograniczyli się do antypodów i przeszli wokół wybrzeża Oceanu Indyjskiego i Pacyfiku do Japonii i Korei, gdzie utworzyli najwcześniejsze zasiedlenia. Gdzieś po drodze tego paleolitycznego rajdu wzdłuż wybrzeża, najprawdopodobniej pod koniec trasy do Japonii, Kain doczekał się unikatowego potomka, azjatyckiego syna, którego dzieci rozprzestrzeniły się w Azji Północno-Wschodniej, a potem na zachód Jedwabnym Szlakiem do Mongolii i Azji Środkowej. W końcu dotarły również do Ameryk[258].

Jak wspomniałem w rozdziale 4, zachodni synowie Abla brali udział odpowiednio w zaludnianiu Europy, Środkowego Wschodu i Afryki, ale istniała inna, wyłącznie wschodnioazjatycka gałąź ablowej linii. Ten azjatycki Abel tak jak Kain przeszedł pospiesznie drogą wokół wybrzeża na południowy wschód do Indonezji, potem dotarł na północny Tajwan i do Japonii, ale na północ nie dalej niż do Korei. Potomków azjatyckiego Abla nie można teraz doszukać się w Indiach. Być może dlatego, że podróżowali szybko lub dlatego, że indyjskich przedstawicieli wymiotła chmura popiołów wielkiego wybuchu wulkanu Toba przed 74 000 lat (zob. rozdział 4), jednakże teraz obserwujemy ich dużą częstotliwość w Tybecie, co sugeruje, że część przodków z tej linii przeżyła wybuch Toby we wschodnich Indiach i dotarła trasą w górę rzeki z Azji Południowo-Wschodniej do azjatyckiego płaskowyżu, skąd rozprzestrzenili się do Mongolii i Ałtaju Rosyjskiego[259].



Rysunek 5.8. Azjatyckie drzewo chromosomu Y. Widoczne jest niemal całkowite rozdzielenie Azjatów południowych i południowo-wschodnich, z wyjątkiem przekrycia wśród plemion Bengalu Zachodniego, oraz współdzielenie linii podstawowych przez wszystkie grupy reliktowe; także inaczej niż w przypadku analiz rozprzestrzenienia mtDNA, widzimy niemal całkowite rozdzielenie

północnych i południowych mongoloidów, z dominacją linii Ho wśród tych drugich oraz wcześniejsze współdzielenie linii Azji Południowej i zachodniej Azji Środkowej w szerokim zakresie, szczególnie wśród potomków Polo.

Dwa pierwsze męskie klany założycielskie przeszukiwaczy plaż użyły więc obu wschodnich korytarzy dostępu do środkowoazjatyckiego stepu (rysunek 5.9). Ich ostateczny liczbowy wkład do światowego zasiedlenia był drobny w porównaniu z trzecią Adamową gałęzią, Setem, którego dominujące nasienie dotarło do każdego krańca nieafrykańskiego świata i którego potomstwo koniec końców przywędrowało do Azji Środkowej wszystkimi trzema możliwymi drogami. Ostatni przegląd pokazał linię Seta u 93% z 12 127 Azjatów i mieszkańców wysp Pacyfiku, resztę zaś tworzyli razem potomkowie Kaina i Abla. Warto podkreślić, że podobnie jak córki Ewy, która wyszła z Afryki, Nasreen i Manju, Set przewędrował z Afryki drogą wzdłuż wybrzeża razem i w tym samym czasie ze swoimi braćmi Kainem i Ablem. Nie poszedł później ani inną drogą, jak to sugerowało kilku genetyków. Dowodem na to jest równoczesna obecność każdego z trzech braci, łącznie ze specyficznym typem Seta, wśród reliktowych społeczności przeszukiwaczy plaż wokół Oceanu Indyjskiego, łącznie z tymi z Azji Południowo-Wschodniej (rysunek 5.9)[260].

To właśnie szlak Seta potwierdza alternatywną, trzecią trasę – północną drogę do Azji Środkowej okrążającą Himalaje od zachodu (wraz z położonym bardziej na południe szlakiem przeszukiwaczy plaż do Indochin i wokół wschodniego brzegu Himalajów). Możemy zobaczyć, skąd wyruszył. Dwie trzecie głębokiej światowej różnorodności tej głównej, założycielskiej linii eurazjatyckiej znajdujemy w Indiach. Set reprezentuje jedną czwartą wszystkich chromosomów Y w Indiach, a jego synowie większość reszty[261]. Pozostałe 10% z linii Seta znajdujemy w Azji Środkowej i odpowiednio wszyscy czterej jego synowie z pierwszej generacji są tam znacząco reprezentowani, co ponownie sugeruje możliwość bezpośredniego rozprzestrzenienia się na północ w tym samym czasie, gdy docierały tam północnoeurazjatyckie grupy mitochondrialne C, X i Z około 40 000 lat temu (strony 258–259).

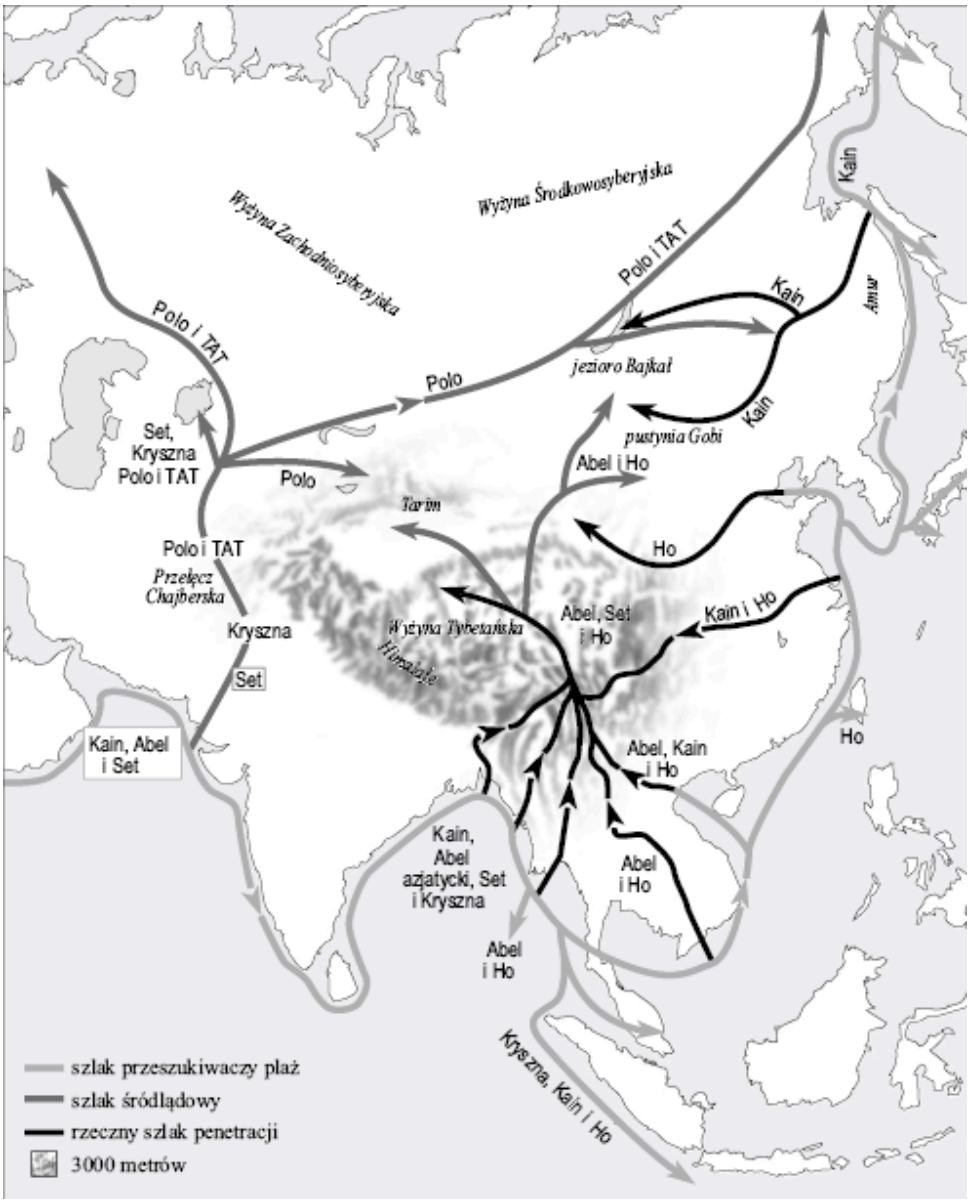
Widzimy, że trzej synowie Seta byli odpowiedzialni za zaludnienie większości Indii, Europy, Środkowego Wschodu i krajów basenu Morza Śródziemnego[262]. Jednakże w tej części naszego opowiadania nie jesteśmy zbytnio zainteresowani Setem i jego zachodnioeuropejskimi synami, bardziej zajmuje nas jego czwarty genetyczny syn Kryszna i jego rola przodka masy Eurazjatów, nie wspominając o prawie wszystkich rdzennych Amerykanach.

Kryszna to około 40% wszystkich dotychczas odkrytych typów chromosomów. Jego szerokie rozprzestrzenienie w Europie, Azji, Pacyfiku i w Amerykach sugeruje, że narodził się w Indiach bardzo wcześnie tuż po początkowym rozproszeniu po opuszczeniu Afryki. Pomimo wczesnych narodzin i szerokiego rozsiania linii rozkład geograficzny bezpośrednich synów Kryszny jest bardzo chaotyczny. Kilku znajdujemy lokalnie w Pakistanie i w Indiach, z pewnymi niewielkimi rozciągnięciami na północ do Lewantu i Azji Środkowej; na innego trafiamy wyłącznie w Melanezji (Nowa Gwinea i otaczające wyspy); jeszcze innego (TAT) znajdujemy wyłącznie w Azji Środkowej i na północnym wschodzie Europy[263].

Jednakże dwaj najliczniejsi genetyczni synowie Kryszny zdecydowanie dominują pod względem pokrycia terytorialnego. Wszyscy wyjaśniają oddzielne szlaki paleolitycznego zaludniania Eurazji i Ameryki. Jedną gałąź, grupę O, znajdujemy niemal wyłącznie w Azji Wschodniej i Południowo-Wschodniej. Nadam tej gałęzi nazwę Ho dla uczczenia zarówno chińskiego podróżnika admirała Czenga Ho, jak i wietnamskiego bohatera narodowego Ho Szi Mina. Ta gałąź narodziła się tak samo jak żeńskie linie B i F, kiedy przeszukujący plaże Kryszna przybył z Indii do Birmy, potem linia Ho rozszczepiła się łatwo na trzy gałęzie. Wszystkie trzy mają obecnie przedstawicieli w Chinach, Indochinach i Azji Południowo-Wschodniej, lecz różnią się stopniem rozprzestrzenienia na północ. Jedna pozostaje w południowych Chinach, Indochinach i Azji Południowo-Wschodniej i wciąż stanowi do 65% malajskich typów aborygeńskich. Druga rozpościera się wzdłuż wybrzeża Pacyfiku do południowych Chin, choć koncentruje się na Tajwanie. Trzecia rozciąga się znacznie dalej w Chinach i na północ wzdłuż chińskiego

wybrzeża aż po Japonię, Koreę i Azję Północno-Wschodnią z niewieloma odgałęzieniami na zachód wzdłuż Jedwabnego Szlaku do Azji Środkowej[264]. Warto zauważyć, że żadna z tych trzech wschodnich i południowo-wschodnich, spokrewnionych azjatyckich gałęzi męskich nigdy nie sięgnęła Ameryki (rysunek 5.9).

W przeciwieństwie do wschodniej i południowo-wschodniej azjatyckiej dominacji Ho w Azji Północnej i Środkowej oraz w Amerykach chromosom Y został dostarczony niemal wyłącznie przez innego z głównych azjatyckich synów Kryszny – Polo (M45). Struktura pochodzenia Polo od Kryszny w Indiach (rysunek 5.8) pokazuje wczesną gałąź dającą początek znacznikom Y i ich potomstwu, które wciąż znajdujemy wśród dawnych mieszkańców z rejonu Bajkału – Ketów (Ostiaków jenisejskich) i Selkupów (Ostiaków-Samojedów). Najbardziej ekscytujący w historii tego rozgałęzienia jest fakt, że tego samego syna Kryszny, który zapoczątkował napływ w kierunku zachodnim, na północny wschód Europy przez Rosję, kojarzy się z kulturą grawecką (zob. rozdział 3). Możemy teraz połączyć te obserwacje z informacjami z górnego paleolitu w Ałtaju z okresu od 23 000 do 43 000 lat temu oraz z historią mitochondrialnych rodów z Azji Północnej i Środkowej. Polo mógł przybyć do Azji Środkowej z Pakistanu 40 000 lat temu i rozprzestrzenić się przez step na wschód i zachód na kształt gigantycznej litery „T” – na wschód do Bajkału i znacznie później do Ameryki i na zachód do Rosji i Europy Wschodniej (rysunek 5.9)[265].



Rysunek 5.9. Pierwsze wkroczenie linii chromosomu Y do Azji Środkowej. Tak jak w przypadku mtDNA (rysunek 5.7), trasy wejściowe pokrywają się z wielkimi azjatyckimi rzekami. Wnuki Seta, Polo i TAT, wkroczyły na zachód od Himalajów i zdominowały Azję Północną. Reszta wschodnioazjatyckich linii Y dotarła z wybrzeża Oceanu Indyjskiego i Pacyfiku, gdzie Ho zdominował Chiny i Azję Południowo-Wschodnią, a Kain tereny dalej na północ.

Potwierdzeniem tak niezwykłego bliźniaczego rozkładu jest mitochondrialny znacznik X w Amerykach i Europie. Mamy również potwierdzenia genetyczne północnoeurazjatyckiego pochodzenia

kultury mamuciej rdzennych Amerykanów tak wymownie wpisane w tytuł książki wydanej w latach dziewięćdziesiątych XX wieku: *From Kostenki to Clovis: Upper Paleolithic – Paleo-Indian Adaptations* (*Od Kostionki do Clovis – adaptacje Paleoindian w górnym paleolicie*)[266]. Wyłania się obraz wędrówki ludów, które ruszyły na północ z Indii i Pakistanu, by zająć Ałtaj Rosyjski, a poradziwszy sobie z niezwykle trudnymi przeciwnościami środowiska, sięgnąć w tej rozgrywce po wspaniałe nagrody. Ta północnoazjatycka populacja założycielska rozszczepiła się na wschodnią i zachodnią, aby opanować wielki step. Ci, co poszli na wschód, ostatecznie dotarli do Ameryki, wędrujący na zachód zaś wnieśli znaczny wkład w północną i zachodnią Europę. Ci, którzy pozostali i przetrwali ostatnie wielkie zlodowacenie, skurczyli się ku południowi w ucieczce do Azji Środkowej, a potem ponownie rozszerzyli swój zasięg, stając się częścią dzisiejszych społeczności Syberii i Uralu.

Widzimy, jak wcześni przeszukiwacze plaż mogli rozszczepiać się stopniowo na różnych etapach wędrówki wybrzeżem Oceanu Indyjskiego i Pacyfiku i jak 40 000 lat temu skolonizowali większość Azji i antypody. Pierwsza gałąź śródlądowa, biegnąca z Indii na północ, dała początek ludowi myśliwych z górnego paleolitu na stepie Azji Środkowej; późniejsze gałęzie rozrastały się wzdłuż wielkich rzek Azji Południowo-Wschodniej, dając początek społecznościom zwanym teraz mongoloidalnymi. Jednakże aż do czasów ostatniego zlodowacenia mniej więcej 20 000 lat temu nie znajdujemy żadnych dowodów istnienia w Azji tak zwanych typów mongoloidalnych. Zatem siły wymuszające powstanie tej fizycznej odmienności ludzkiej musiały kontynuować działanie przez długi czas po przybyciu pierwszych Azjatów do Azji Północnej. Doprowadziło to naszą opowieść do następnej fazy klimatycznej – Wielkiego Mrozu.

223 Dunbar R.I.M., *Neocortex size as a constraint on group size in primates*, „Journal of Human Evolution" 1992, nr 20, s. 469–493.

224 Jablonski N., Chaplin, G., *The evolution of human skin coloration*, „Journal of Human Evolution" 2000, nr 39, s. 57–106.

225 Np. traktowany jako różnicująca selekcja *locus* MC1R, co tłumaczy ważny fenotypowy składnik produkcji melatoniny – Harding R. et al., *Evidence for*

variable selective pressures at MC1R, „American Journal of Human Genetics" 2000, nr 66, s. 1351–1361; Jablonski N., Chaplin G., op. cit.

226 Zob. Lahr M., *The Evolution of Modern Human Diversity: A Study of Cranial Variation*, Cambridge University Press 1996.

227 Bulbeck D., *Current biological anthropological research on Southeast Asia's Negrito*s, „SPAFA Journal" 1999, nr 9(2), s. 15–22; Brown, P., *The first modern East Asians? Another look at Upper Cave 101, Liujiang and Minatogawa 1*, w: K. Omoto (red.), *Interdisciplinary Perspectives on the Origins of the Japanese*, International Research Center for Japanese Studies, Kyoto 1999, s. 105–130.

228 Bulbeck D., op. cit.

229 Dyskusja porównawcza zob. zob. Lahr M., op. cit.

230 Ulijaszek S., *Ethnic differences in patterns of human growth in stature*, w: R. Martorell, F. Haschke (red.), *Nutrition and Growth*, Nestle Nutrition Workshop Series, Pediatric Program, t. 47, Lippincott Williams &Wilkins, Philadelphia 2001, s. 1–15; idem, *Between-population variation in pre-adolescent growth*, „European Journal of Clinical Nutrition" 1994, nr 48 (supp. 1), s S5–S14.

231 Zob. Lahr M., op. cit. Z jakichś powodów późniejsi australijscy Aborygeni nie wyglądają jak pierwsi kolonizatorzy, zob. dyskusję i przypis 6 w rozdziale 4.

232 Lahr M., op. cit., s. 319.

233 Ishida H., Dodo Y., *Cranial morphology of the Siberians and East Asians*, w: A. Takeru, E. Szathmary (red.), *Prehistoric Mongoloid Dispersal*, Oxford University Press 1996, s. 113–124; zob. też Hanihara T., *Frontal and facial flatness of major human populations*, „American Journal of Physical Anthropology" 2000, nr 111, s. 105–134.

234 Zob. dyskusja o nowym minimalnym wieku 68 000 lat czaszki Liujiang w rozdziale 4; także dyskusja o Liujiang i czaszkach z Górnej Jaskini 101 w: Brown P., op. cit. Technologię górnego paleolitu i szczątki ludzi współczesnych znalezione w północnych Chinach w wykopaliskach Salawasu z okresu 35 000 i 50 000 lat temu omawiają: Chen C., Olsen J.W., *China at the Last Glacial Maximum*, w: C. Gamble, O. Soffer (red.), *The World at 18,000 bp*, t. 1, Unwin Hyman, London 1990, s. 276–295. O najwcześniejszych niepodważalnych szczątkach mongoloidalnych zob. Brown P., op. cit. Na temat odizolowanego znaleziska o dyskutowanym znaczeniu, opisanego jako „część kości czołowej o stwierdzonym powinowactwie ze wschodnimi Azjatami z powodu płaskich górnych regionów nosowych" zob.: Wolpoff M.H., *Paleoanthropology*, McGraw-Hill, New York 1999, s. 740; Alekseev V., *The physical specificities of Paleolithic hominids in Siberia*, w:

A.P. Derevianko (red.), *The Paleolithic of Siberia: New Discoveries and Interpretations*, University of Illinois Press, Urbana 1998, s. 329–335. Należy zauważyć, że kilku innym starszym czaszkom wschodnich Azjatów nadaje się status „premongoloidalnych". Czaszka Minatogawa z Okinawy (16 600–18 250 lat) ma również wyraźnie płaskie siodło nosa. Te czaszki pod wieloma względami różnią się od czaszek współczesnych populacji mongoloidów (zob. Brown P., op. cit.). Tak więc, choć płaskie siodło nosa może być cechą, nie jest jasne, jak dalece wyróżniającą dla mongoloidów.

235 Lahr M., op. cit.; Rayner D., Bulbeck D., *Dental morphology of the „Orang Asli" aborigines of the Malay Peninsula*, w: M. Henneberg (red.), *Causes and Effects of Human Variatio*, Australasian Society for Human Biology, The University of Adelaide 2001, s. 19–41. Ostatnie badania kraniometryczne zidentyfikowały klaster złożony z Andamańczyków, Semangów, Tamilów z południowych Indii i Nowogwinejczyków z wybrzeża, których czaszki wykazują zachowanie pewnych cech czaszek przodków, jak również cech uzębienia – Bulbeck D., op. cit.

236 Aborygeni malajscy zwani również proto-Malajami, zostali wyodrębnieni na podstawie starej teorii dwóch fal Malajów, które napłynęły do tego regionu, zob. Carey I., *Orang Asli: the aboriginal tribes of peninsular Malaysia*, Oxford University Press, Kuala Lumpur 1976. Na temat Ajnów zob. Hanihara T. et al., *Place of the Hokkaido Ainu (Northern Japan) among peoples of the world*, „International Journal of Circumpolar Health" 1998, nr 57, s. 257–275, tu s. 273–274.

237 Zob. Hanihara T., op. cit. na temat typu Sundadont w Australii. Mocną budowę Australijczyków oraz zmiany ich uzębienia i włosów mogłaby wyjaśnić druga (sporna) kolonizacja Australii z Azji Południowo-Wschodniej w ciągu ostatnich 20 000 lat (Wolpoff M.H., op. cit., s. 740). Birdsell sugeruje nawet aż trzy kolejne kolonizacje Australii: pierwszą przez „Oceanicznych Negrytów" lub „Barrinean", reprezentowanych przez wymarłych już Tasmańczyków, drugą przez podobnych do Ajnów „Murrayian", i trzecią – przypominających typ Veddoid „Carpentarians" – Birdsell J.B., *The recalibration of a paradigm for the first peopling of Greater Australia*, w: J. Allen et al. (red.), *Sunda and Sahul*, Academic Press, London 1977, s. 113–167. Istnieje pewne archeologiczne i genetyczne wsparcie dla tezy o znacznie późniejszej kolonizacji w czasie holocenu, ale wówczas wpływ kulturowy byłby większy od genetycznego, który okazuje się, był stosunkowo niewielki – Oppenheimer S.J., *Eden in the East*, Weidenfeld & Nicolson, London 1998, s. 203–204. Podczas gdy druga kolonizacja Australii jest dziś niemodna i poglądy Birdsella i Wolpoffa pozostają w mniejszości, podejrzewam, że kontrowersja nie zniknie, a dowody genetyczne mogą jeszcze dać wsparcie teorii kilku kolonizacji różnymi trasami.

238 Podział na typy Sundadont/Sinodont może być sztuczną kategoryzacją kontinuum. Zob. dyskusję z jednej strony: Hanihara T., *Negritos, Australian Aborigines, and the "Proto-Sundadont" dental pattern: The basic populations in East Asia*, „American Journal of Physical Anthropology" 1992, nr 88, s. 183–196; oraz Scott G.R., Turner II C.G., *The Anthropology of Modern Human Teeth*, Cambridge University Press 1997. Rayner i Bulbeck (op. cit.) z drugiej strony wyraźnie uznają dyskretne rozróżnienie Sundadont/Sinodont za sztuczne. Sugerują raczej istnienie kontinuum, z typem Sundadont jako pośrednim od niezróżnicowanego wokół Oceanu Indyjskiego po Sinodont. Takie podejście umożliwia podtrzymanie tezy o stopniowej zmianie z południa na północ Azji. Obaj autorzy argumentują również za bardziej kompleksowym zróżnicowaniem ludów z obrzeża Pacyfiku. Choć w tym przypadku zgadzam się z Raynerem i Bulbeckiem, dla prostoty nadal używam terminów Sinodont i Sundadont.

239 Yong-Gang Yao et al., *Phylogeographic differentiation of mitochondrial DNA in Han Chinese*, „American Journal of Human Genetics" 2002, nr 70, s. 635–651. Na temat różnic między dziećmi z południa i północy zob. Leung S., *Auxological and nutritional status of Hong Kong Chinese infants: Birth to two years*, praca doktorska, Chinese University of Hong Kong 1990. Można by przypuszczać, że drobna i szczupła budowa to cechy mongoloidalne. Jeżeli mongoloidzi północni reprezentują wyolbrzymienie cech mongoloidów południowych, to moglibyśmy przypuszczać, że będą raczej mniejsi i smuklejsi niż więksi i bardziej krzepcy, ale należy pamiętać, że ich populacje otrzymały znaczne domieszki grup z Azji Środkowej pokrewnych zachodnim Eurazjatom, co zostało omówione w dalszej części tego rozdziału.

240 Ishida H., Dodo Y., op. cit.; zob. także Coon C.S., *The Origin of Races*, Alfred A. Knopf, New York 1962; Akazawa T., *Introduction: Human evolution, dispersal, and adaptive strategies*, w: T. Akazawa, E. Szathmary (red.), *Prehistoric Mongoloid Dispersal*, Oxford University Press 1996; Guthrie D., *The Mammoth Steppe and the origin of Mongoloids and their dispersal*, ibidem.

241 Hanihara T., op. cit., s. 117.

242 Ishida H., Dodo Y., op. cit. Według alternatywnego spojrzenia (zob. rys. 8 w: Hanihara T., op. cit.) te grupy zachowały cechy przodków *Homo sapiens* z płaskością twarzy, przy znacznym zwężeniu górnej części głowy i szczęki.

243 Np. Montagu A., *Growing Young*, McGraw-Hill, New York 1989, s. 40; zob. też Gould S.J., *Ontegeny and Phylogeny*, Belknap Press, Cambridge, MA 1977. Dla zainteresowanych nowszą serią literatury na temat pozytywnych i negatywnych interakcji, neotenii i ludzkiej ewolucji: Bemporad J.R., *Dementia Praecox as a failure of Neoteny*, „Theoretical Medicine" 1991, nr 12, s. 45–51; Crow T.J., *Sexual Selection, Timing and an X-Y Homologous gene: did Homo sapiens*

Speciate on the Y Chromosome, „Proceedings of the British Academy" 2002, nr 106, s. 197–216. Kilka raczej heurystycznych „przeglądów" tej teorii można znaleźć pod adresami: www.neoteny.org/a/stephenjgould.html oraz www.humanevolution.net/a/asianoriental.html.

244 Chou A., *Migration of early hominids during the Pleistocene*, materiały Paleoanthropology Society Annual Meeting, 27–28 March 2001, Kansas City, Missouri.

245 Goebel T. et al., *Dating the Middle-to-Upper-Palaeolithic transition at Kara Bom*, „Current Anthropology" 1993, nr 34, s. 452–458; Goebel T., Aksenov M., *Accelerator radiocarbon dating of the initial Upper Palaeolithic in southeast Siberia*, „Antiquity" 1995, nr 69, s. 349–357.

246 Otte M., Derevianko A., *Transformations techniques au Paleolithique de 1 'Altai (Siberie)*, „Anthropologie et Prehistoire" 1996, nr 107, s. 131–143; Goebel T., Aksenov M., op. cit., s. 356; Goebel T. et al., op. cit.; zob. także Derevianko A.P. et al., *Archaeological Studies Carried out by the Joint Russian–Mongolian–American Expedition* in *Mongolia in 1997–98*, Institute of Archaeology and Ethnography, Novosibirsk 2000, s. 161, 168.

247 Soffer O., *Upper Paleolithic adaptations in Central and Eastern Europe and man– mammoth interactions*, w: O. Soffer, N.D. Praslov (red.), *From Kostenki to Clovis: Upper Paleolithic-Paleo-Indian Adaptations*, Plenum Press, New York 1993, s. 33–49.

248 Chan Wing-hoi, *Ordination names in Hakka genealogies: A religious practice and its decline*, w: D. Faure, H. Siu (red.), *Down to Earth: The Territorial Bond in South China*, Stanford University Press, Stanford 1995, s. 65–82. Mit jednorodnych wymieszanych Chin jest wciąż z jakiegoś powodu promowany (zob. np. Yuan-Chun Ding et al., *Population structure and history in East Asia*, „Proceedings of the National Academy of Sciences USA" 2000, nr 97, s. 14003–14006), a potem czasami dezawuowany przez tych samych autorów (zob. np. Yong-GangYao et al., op. cit.).

249 Su B. et al., *Y-chromosome evidence for a northward migration of modern humans into East Asia during the last ice age*, „American Journal of Human Genetics" 1999, nr 65, s. 1718–1724.

250 Dane dla Azji Środkowej z rys. 2 w: Metspalu E. et al., op. cit.; dla Tybetu: Torroni A. et al., op. cit.; dla Mongolii: Kolman C.J. et al., op. cit.; dla Chin i Korei: Torroni A. et al., op. cit.

251 Kivisild T. et al., op. cit. (warto zauważyć, że istnieje możliwość przeniesienia różnorodności, co wpłynęłoby na lokalne oszacowania wieku w Mongolii); tabela

3 w: Yong-GangYao et al., op. cit. Według tej ostatniej publikacji indywidualne gałęzie D i G mają 51 000–60 000 lat i te dwie haplogrupy łączą się z M9/E nawet wcześniej (Kivisild T. et al., op. cit.).

252 Grupa B, której wiek w Azji oszacowano na około 75 000 lat (74 600 ± 18 700 lat) wg: Yong-GangYao et al., op. cit., osiąga największą częstotliwość u ludów Azji Południowo-Wschodniej, Oceanii (oprócz górali nowogwinejskich i Australijczyków) i na zachodnim wybrzeżu Pacyfiku.

253 Różnorodność i starożytność B i F na południu omawiają: Ballinger S.W. et al., *Southeast Asian mitochondrial DNA analysis reveals genetic continuity of ancient Mongolid migrations*, „Genetics" 1992, nr 130, s. 139–152. Dane także z: Fucharoen, G. et al., *Mitochondrial DNA polymorphisms in Thailand*, „Journal of Human Genetics" 2001, nr 46, s. 115–125; Oota H. et al., *Extreme mtDNA homogeneity in continental Asian populations*, „American Journal of Physical Anthropology" nr 118, s. 146–153; zob. także Kivisild T. et al., op. cit.; Yong-Gang Yao et al., op. cit. Na temat grup B (oszacowany wiek 74 600 ± 18 700 lat) i R9(F4) (oszacowany wiek 81 000 ± 24 600 lat) będących przodkami F na południu zob. wyżej, przypis 33. Na temat na nowo zidentyfikowanej haplogrupy pre-F sklasyfikowanej teraz jako R9 zob. Hill C. et al., op. cit. i rys. 5.5 w tej książce. Nowo opisana haplogrupa M7 jest odbiciem B i F. M7 jest datowana na 61 000 lat, a jej najstarsza gałąź, M7b, cechuje populacje wietnamskie – Kivisild T. et al., op. cit.

254 Najstarsza z podgrup B z Mongolii (40 500 lat), B1, jest dominującym typem w całej Azji Południowo-Wschodniej, na Pacyfiku i w Amerykach, znajduje się ją także w Tybecie – Kivisild T. et al., op. cit.; Torroni A. et al., op. cit. B1 i B2 są odróżniane odpowiednio przez 16217 (teraz ogólnie sklasyfikowana jako B4) i 16243/16140 (teraz ponownie sklasyfikowana w: Kivisild T. et al., op. cit. jako B5b) w: Kolman C.J. et al., op. cit. Młodsza z dwóch, B2 (33 500 lat w Mongolii), wywiera większy niż B1 wpływ na cechy ludności zamieszkującej na zachodnim wybrzeżu Pacyfiku (wschodnie Chiny, Korea, Japonia) – Horai S., Hayasaka K., *Intraspecific nucleotide sequence differences in the major non-coding region of human mitochondrial DNA*, „American Journal of Human Genetics" 1990, nr 46, s. 828–842; Nishimaki Y. et al., *Sequence polymorphism in the mtDNA HV1 region in Japanese and Chinese*, „Legal Medicine" 1999, nr 1, s. 238–249; Horai S. et al., op. cit.; Seo Y.B. et al., *Sequence polymorphism of mitochondrial DNA control region in Japanese*, „Forensic Science International" 1998, nr 97, s. 155–164. Oba typy B w paleolicie są opisane w: Metspalu E. et al., op. cit.

255 Dominująca spośród tych trzech linii, D – szacowana na 44 500 lat (Kivisild T. et al., op. cit.) – jest najpowszechniejsza na Syberii i obecna w południowych Chinach oraz na całym obszarze Ameryk, ale nie w Azji Południowo-Wschodniej, tzn. na obszarze prehistorycznego lądu Sunda (Torroni A. et al., op. cit.). D jest

również obecna z małych proporcjach w Indiach (Kivisild T. et al., op. cit.). D i E są także powszechne w zachodniej Azji Środkowej (rys. 2 w: Metspalu E. et al., op. cit.; dla E zob. Ballinger S.W. et al., op. cit.). Wariant E znany z występowania w Korei jest powszechnie znajdowany w Azji Południowo-Wschodniej, co zwiększa prawdopodobieństwo, że przodek tej grupy również ostatecznie pochodził z południa. Istnieje także powiązanie G z unikatową grupą M Semangów, M21c, co ponownie sugeruje możliwość pochodzenia tej grupy z południa (Hill C. et al., op. cit.). Na temat częstotliwości występowania siostrzanych gałęzi zob. Kolman C.J. et al., op. cit.; Bamshad M. et al., *Genetic evidence on the origins of Indian caste populations*, „Genome Research" 1999, nr 11, s. 994–1004; Yong-GangYao et al., op. cit.; Kivisild T. et al.

256 Derenko M.V. et al., *The presence of mitochondrial Haplogroup X in Altaians from South Siberia*, „American Journal of Human Genetics" 2001, nr 69, s. 237–241. Na temat wieku sięgającego 30 000 lat zob. Brown M. et al., op. cit.

257 D/E, C i F to nowe uzgodnione nazwy odpowiednio dla YAP+, RPS4Y/M216 i M89 – zob. The Y Chromosome Consortium, *A nomenclature system for the tree of human Y-chromosomal binary haplogroups*, „Genome Research" 2002, nr 12, s. 339–348.

258 Haplotyp 48 – do wschodniej Indonezji i Nowej Gwinei, haplotyp 49 – do Australii; wokół japońskiego wybrzeża Oceanu Indyjskiego i Pacyfiku – haplotyp 50; M217 lub haplotyp 52, dający początek haplotypom 51 i 53 – wszystkie haplotypy wg: Underhill P.A. et al., *The phylogeography of Y-chromosome binary haplotypes and the origins of modern human populations*, „Annals of Human Genetics" 2001, nr 65, s. 43–62. Na temat haplogrup odpowiednio 21–26 i 31–34 zob. Karafet T.M. et al., *Ancestral Asian source(s) of New World Y-chromosome founder haplotypes*, „American Journal of Human Genetics" 1999, nr 64, s. 817–831. O wędrówce do Ameryki – ibid.; Underhill P.A. et al., op. cit.; Underhill, P.A. et al., *Y-chromosome sequence variation and the history of human populations*, „Nature Genetics" 2000, nr 26, s. 358–361.

259 Karafet T.M. et al., op. cit., zob. także Bing Su et al., *Y-chromosome evidence for a northward migration of modern humans into Eastern Asia during the last ice age*, „American Journal of Human Genetics" 1999, nr 65, s. 1718–1724.

260 Grupa M89 (F/Set) wg: Ke Y. et al., *African origin of modern humans in East Asia: A tale of 12,000 Y chromosomes*, „Science" 2001, nr 292, s. 1151–1152. Nawiasem mówiąc, ten artykuł pokazuje także, że każdy z 12 127 badanych Azjatów współdzieli M168, mutację Adama, który wyszedł z Afryki, tak samo jak 99,9% innych nie-Afrykanów. Pogląd, że Set nadszedł jako późniejszy exodus z Afryki, jest omówiony dokładnie w: Underhill P.A. et al., op. cit. Liczebność grupy M89 (grupa F) 23% i M95 (grupa O) 65% u Orang Asli, Aborygenów

z Półwyspu Malajskiego – zob. dane w: Bing Su et al., *Polynesian origins: Insights from the Y chromosome*, „Proceedings of the National Academy of Sciences USA" 2000, nr 97, s. 8225–8228. M9 (grupa K zawierająca podgrupy O, L i P) – 100% u mieszkańców Wielkiego Andamanu, podczas gdy azjatycka YAP+ (Kain lub grupa D) – sięga 100% u innych mieszkańców Andamanów – zob. dane w: Thangaraj K. et al., *Genetic affinities of the Andaman Islanders, a vanishing human population*, „Current Biology" (publikacja online 26 listopada 2002). Liczebność M9 u australoidalnych grup plemiennych w Indiach, Czenczu i Koya (98%) – zob. dane w: Kivisild T. et al., op. cit. M9: 35% u Australijczyków i 94% u górali z Nowej Gwinei – zob. dane w: Kayser M. et al., *Independent histories of human Y chromosomes from Melanesia and Australia*, „American Journal of Human Genetics" 2001, nr 68, s. 173–190.

261 Zob. rys. 1 i tabela 1 w: Hammer M.F. et al., *Hierarchical patterns of global human Y-chromosome diversity*, „Molecular Biology and Evolution" 2001, nr 18(7), s. 1189–1203; reprezentanci synów Seta, haplotypy 19–24 – zob. rys. 1, ibid.

262 Hammer M.F. et al., op. cit., haplotypy 20–23 zob. także rys. 1, ibid. Zob. też rozdziały 3 i 4. Grupa F/Set odpowiada grupom G–R wg The Y Chromosome Consortium, op. cit.

263 Underhill P.A. et al., op. cit.; Hammer M.F. et al., op. cit. Jedno oszacowanie (za pomocą metody filogenetycznej) wieku bezpośredniego przodka Kryszny, linii M89 (Set), wynosi 88 000 lat; wiek subgałęzi (M17) Polo w Indiach jest szacowany za pomocą tej metody na 51 200 lat. M17 przeszła później do Azji Środkowej i Europy – zob. tabela 3 w: Kivisild T., *Genetics of the language and farming spread in India*, w: P. Bellwood, C. Renfrew (red.), *Examining the Farming/Language Dispersal Hypothesis*, McDonald Institute for Archaeological Research, Cambridge 2003, s. 215–222. Haplotypy 90 i 91 w haplogrupie zdefiniowanej przez M11 wg: Underhill P.A. et al., op. cit.; haplotypy 90 i 91 określone przez M147 i M70, ibid. Haplotypy 94–97 w haplogrupie określonej przez M4G/M5T/M9G wg: Kayser M. et al., op. cit.; Capelli C. et al., *A predominantly indigenous paternal heritage for the Austronesian-speaking peoples of insular Southeast Asia and Oceania*, „American Journal of Human Genetics" 2001, nr 68, s. 432–443. Haplotyp 92 wg: Underhill P.A. et al., op. cit.

264 Gałąź M175 wg: Underhill P.A. et al., op. cit., O/Ho przyporządkowana do haplogrupy O wg: The Y Chromosome Consortium, op. cit. Na temat M95, M119, M122 zob. dane w: Bing Su et al., op. cit.; Karafet T.M. et al., op. cit.; Underhill P.A. et al., op. cit.

265 Gałąź M45 wg: Underhill P.A. et al., op. cit. Przyporządkowanie P/Polo haplogrupie P wg: The Y Chromosome Consortium, op. cit.; Karafet T.M. et al.,

op. cit.

266 Soffer O., Praslov N.D. (red.), *From Kostenki to Clovis: Upper Paleolithic – Paleo-Indian Adaptations*, Plenum Press, New York 1993.

Rozdział 6

Wielki Mróz

W ostatnim rozdziale zobaczyliśmy, jak Azja Wschodnia i Środkowa zostały w całości zaludnione przez trójramienne kleszcze startującej z Indii kolonizacji genetycznej. Najstarsi osadnicy postępowali drogą starożytnych przeszukiwaczy plaż wzdłuż wybrzeża z Indii przez Indochiny na północ do Japonii i Korei, pozostawiając po drodze kolonie. Z tych przybrzeżnych kolonii azjatyccy pionierzy penetrowali serce Azji Środkowej, wykorzystując bramy, jakie w olbrzymiej ścianie skalnej flankującej Himalaje otworzyły wielkie azjatyckie rzeki. Południowo-wschodni Tybet i wyżyna Qinghai mogły być pierwszymi częściami Azji Środkowej wziętymi w posiadanie 60 000 lat temu z Birmy i Indochin, podczas gdy ci, którzy wyruszyli doliną Indusu z Pakistanu do Ałtaju Rosyjskiego, osiedli dalej na zachód podczas łagodnego okresu mniej więcej 43 000 lat temu. Ludzie, którzy dotarli do północnych Chin trasą przybrzeżną, mogli ruszyć na zachód wzdłuż Żółtej Rzeki (Huang-ho) do Azji Środkowej mniej więcej w tym samym czasie lub później.

Mapa Azji Północnej zaczyna się teraz wypełniać. Wcześniej niż 30 000 lat temu wielki pas leśnego południa byłego Związku Sowieckiego (rysunek 6.1 a) od Ałtaju Rosyjskiego przez Bajkał na południu Syberii po rzekę Ałdan na wschodzie został skolonizowany przez nowoczesnych pionierów przynoszących technologię podobną do współczesnej europejskiej górnopaleolitycznej. Przed 40 000 lat nawet krąg polarny został przekroczony na północ od Uralu. Istnieje

nieco dowodów, że technologia górnego paleolitu północnej Eurazji mogła przewędrować na południe do Mongolii Wewnętrznej na północnym łuku Żółtej Rzeki, ale aktualne znaleziska wskazują, że te wpływy kulturalne nie rozprzestrzeniły się dalej na południowe Chiny[267].

Wizja Dale'a Guthriego wyobrażającego sobie łowców-zbieraczy wędrujących po azjatyckim wielkim mamucim stepie, rozciągającym się od wschodniej Syberii po Europę (zob. rozdział 5 i rysunek 6.1a), w świetle odkryć archeologicznych nabiera kształtu mniej więcej około 30 000 lat temu. Jego przewidywania dotyczące początkowej ojczyzny „mongoloidów" na południu stepu są jednak wysoce spekulatywne dla tego okresu na Syberii. Zacznijmy od tego, że jak wspomniałem, nie ma żadnych niepodważalnych śladów mongoloidów z tak wczesnego okresu. Wszystko, co wiemy do tej pory, wskazuje, że mieszkańcy południowej Syberii mogli wyglądać wówczas jak kromaniończycy w Europie. Mieli podobną kulturę i, przynajmniej zgodnie z historią opowiedzianą nam przez linie chromosomu Y, również wspólne geny z północnymi Europejczykami (zob. rozdział 5). Dowodem siły przyciągania zachodniego ośrodka kultury może być pierwszy rozkwit mamuciej kultury, który, jak się zdaje, nastąpił dość daleko na zachodzie w Europie Środkowej i Wschodniej. Dowody sugerują, że kultura mamucia dotarła do Malty w pobliżu Bajkału dopiero przed 23 000 lat, to znaczy na 2000 lat przed pierwszym możliwym dowodem istnienia cech mongoloidalnych, pochodzącym z położonej nieco na zachód w tym samym regionie południowej Syberii Afontowej Gory[268].

WIELKI MRÓZ: LÓD, JEZIORA I PUSTYNIE

Chociaż przyglądamy się teraz czasom sprzed 20 000 lat, główną rolę odegrały wówczas zjawiska zachodzące we Wszechświecie odległym o miliony kilometrów i wywierające wpływ na oś obrotu Ziemi. Trzy wielkie cykle niebieskie Układu Słonecznego weszły w koniunkcję, co zmniejszyło do minimum ilość ciepła słonecznego docierającego

latem do półkuli północnej[269]. Stało się chłodniej i nawracające, krótkie ocieplenia (interstadia), charakterystyczne dla okresu 30 000–50 000 lat temu, właśnie przeminęły. Były to trzy cieplejsze okresy, w których letnie słońce pomogło stopić lody zebrane na północy, nie pozwalając lodowej czapie rozszerzać się przez Skandynawię na Europę Północną. Teraz lodowa czapa mogła bez przeszkód rozszerzać się na tereny północne. Poziom mórz zaczął ponownie opadać, by w końcu obniżyć się o 130 metrów. Mówiąc w skrócie, na Ziemi zbliżała się ostatnia epoka lodowcowa (w ciągu poprzednich 100 000 lat odnotowano całkiem sporo narastań i ubytków lodu, i archeolodzy zwykli nazywać ów czas raczej szczytem – maksimum – ostatniego zlodowacenia zamiast epoką lodowcową).

Maksimum ostatniego zlodowacenia i jego skutki przyniosły o wiele bardziej radykalne zmiany liczebności i ruchy ludów północnych niż jakiekolwiek okresy wcześniejsze. Rzut oka na mapę klimatyczną sprzed 18 000 lat pokazuje nam tego przyczynę (rysunek 6.1b). Olbrzymie obszary lądu stały się całkowicie niedostępne. Na początku lodowe czapy, niektóre grubości 5 kilometrów, całkowicie zamknęły ląd dla wszelkiego zasiedlenia. Białe płaszczyzny rozkładały się równomiernie na całej półkuli północnej. W Europie pokryły głównie część środkową i północno-zachodnią. Wyspy Brytyjskie, wówczas część głównego lądu europejskiego, były zlodowaciałe aż po Oksford na południu. Skandynawskie jeziora i fiordy oraz niecka Bałtyku to blizny, jakie na wieczność pozostawiły lodowce. Przez północne Niemcy, Polskę i kraje bałtyckie przebiegał południowy skraj lodowej pokrywy, która ciągnęła się na północny wschód wokół północnego koła podbiegunowego przez Finlandię, Karelię do Archangielska i dalej aż po Ural. Dalej na południe w Europie górskie rejony Pirenejów, Masywu Centralnego, Alp i Karpat pozostawały skute lodem (rysunek 6.2). Jednakże, jak się przekonamy, Europa Wschodnia została mniej doświadczona przez lód niż Zachodnia.

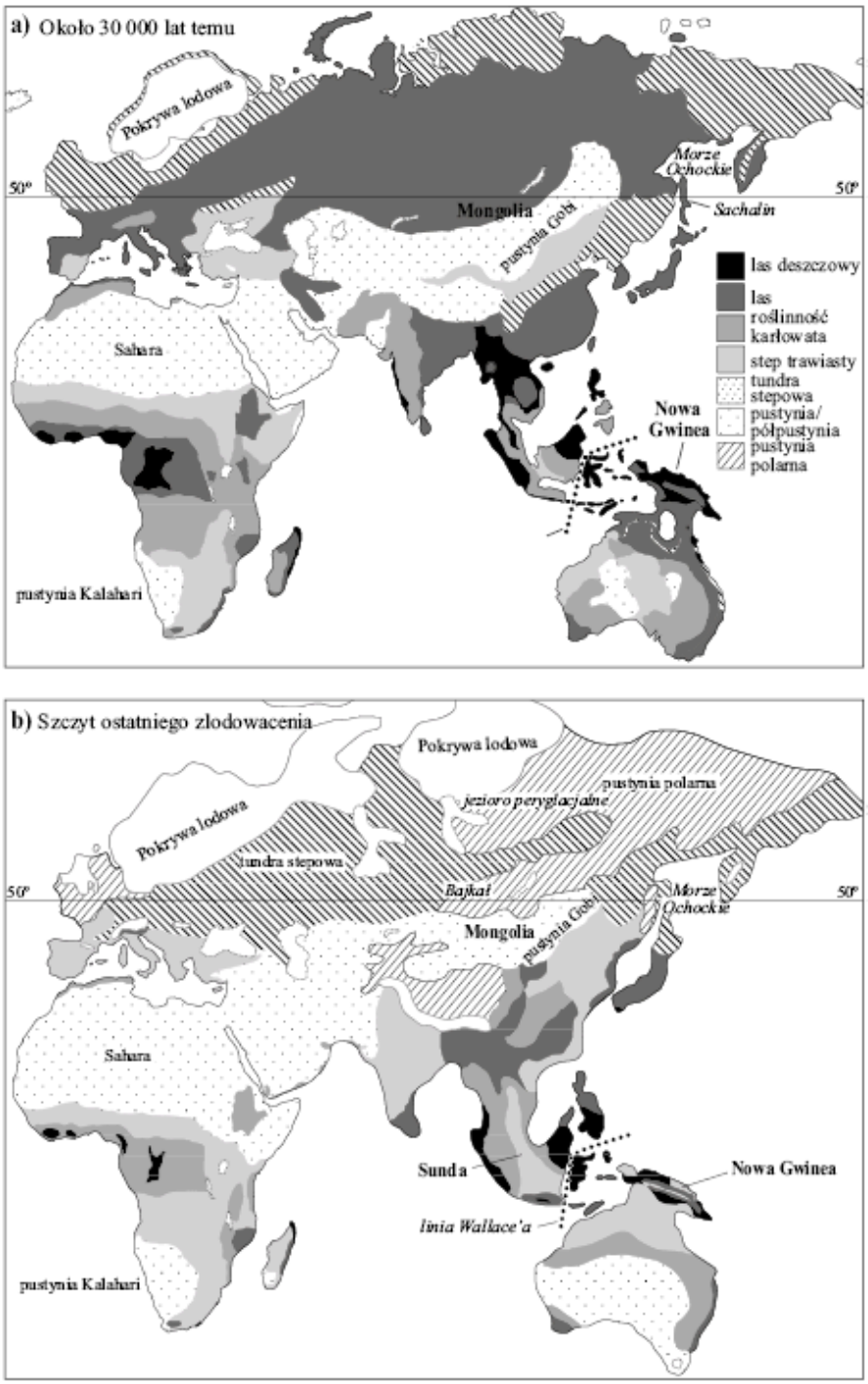
W Azji panowała lepsza sytuacja niż w Europie. Większość obszarów na północy i w centrum pozostała wolna od lodu (zob.

rysunek 6.1b). Po wschodniej stronie Uralu wielka czapa pokryła półwysep Tajmyr i rozciągnęła się nieco na południe. Inną częścią kontynentu przykrytą czapą lodową była olbrzymia Wyżyna Tybetańska, którą wysokość położenia uczyniła miejscem bardzo zimnym, lecz nawet tutaj mamy wątpliwości, jak daleko sięgała pokrywa lodowa, gdyż pewien zdumiewający dowód świadczy o obecności ludzi w Tybecie jeszcze przed maksimum zlodowacenia[270].

Szczególnie dotknięta została Ameryka Północna, a zwłaszcza Kanada, region Wielkich Jezior i stany północno-wschodnie – inaczej mówiąc, cała północ, czyli dwie trzecie kontynentu, została przyciśnięta potężną lodową masą, która na wschodzie łączyła się z czapą lodową Grenlandii. Z kolei Alaska była wówczas połączona z Syberią wielkim wolnym od lodu mostem teraz zatopionego lądu Beringii. Do pewnego stopnia również Alaska była wówczas wolna od lodu. Większy z dwóch amerykańskich lodowców, laurentyński na wschodzie, pozostawił po sobie rozległy ślad w postaci głębokiej szczerby wdzierającego się w głąb lądu morza, zwanego obecnie Zatoką Hudsona (rysunek 7.4).

W kilku miejscach zarówno w Azji, jak i w Ameryce lodowce otaczały na przedpolach wielkie jeziora, zwane peryglacjalnymi. Najbardziej znane to Wielkie Jeziora w Ameryce Północnej. Same powłoki lodowe nie były statyczne, lecz spływały jak lodowce. Te zlodowaciałe rzeki wyrzeźbiły nie tylko doliny i fiordy, lecz także zmiotły wiele dowodów, świadczących o tym, że na terenach północnych kiedykolwiek zamieszkiwali ludzie.

W okresie Wielkiego Mrozu lód nie był jedyną barierą powstrzymującą ludzkie zasiedlenia. Na świecie do olbrzymich rozmiarów rozszerzyły się pustynie.



Rysunek 6.1. Zmiany warunków na świecie podczas szczytu ostatniego zlodowacenia. Około 30 000 lat temu (a) olbrzymie otwarte przestrzenie lasów iglastych rozciągały się od Pacyfiku po Arktykę i Atlantyk, pozwalając myśliwym na swobodną ekspansję. W czasie zlodowacenia (b) zostały zredukowane do wąskiego języka stepowej tundry nadal zajmowanej przez myśliwych. Podczas

gdy na świecie znacznie zmniejszyły się obszary zamieszkane, w Azji Południowo-Wschodniej i na kontynencie Sunda nastąpił ich gwałtowny rozwój.

Olbrzymie rejony północnej Eurazji i Ameryki wokół czap lodowych zamieniły się w pustynie, na których mogły się utrzymać jedynie najwytrzymalsze i najodporniejsze rośliny i zwierzęta. Polarna pustynia w Europie rozciągała się na wschód od południowego krańca Anglii, przez północne Niemcy, po południowy brzeg lodowca fińsko-skandynawskiego. Cały region od Lewantu i Morza Czerwonego po Pakistan, zwykle bardzo suchy, teraz stał się wielką, nieprzerwaną, ekstremalnie suchą pustynią. Południe Azji Środkowej od Turkmenistanu i Uzbekistanu nad Morzem Kaspijskim na zachodzie przez Xinjiang (północny Tybet) po Mongolię Wewnętrzną na wschodzie zamieniło się w pustynię nie do przebycia po obu stronach 40 równoleżnika. Pustynia, która zajęła serce mamuciego stepu Guthriego, również odcięła północ i północną część Azji Środkowej od Azji Wschodniej i Północno-Wschodniej.

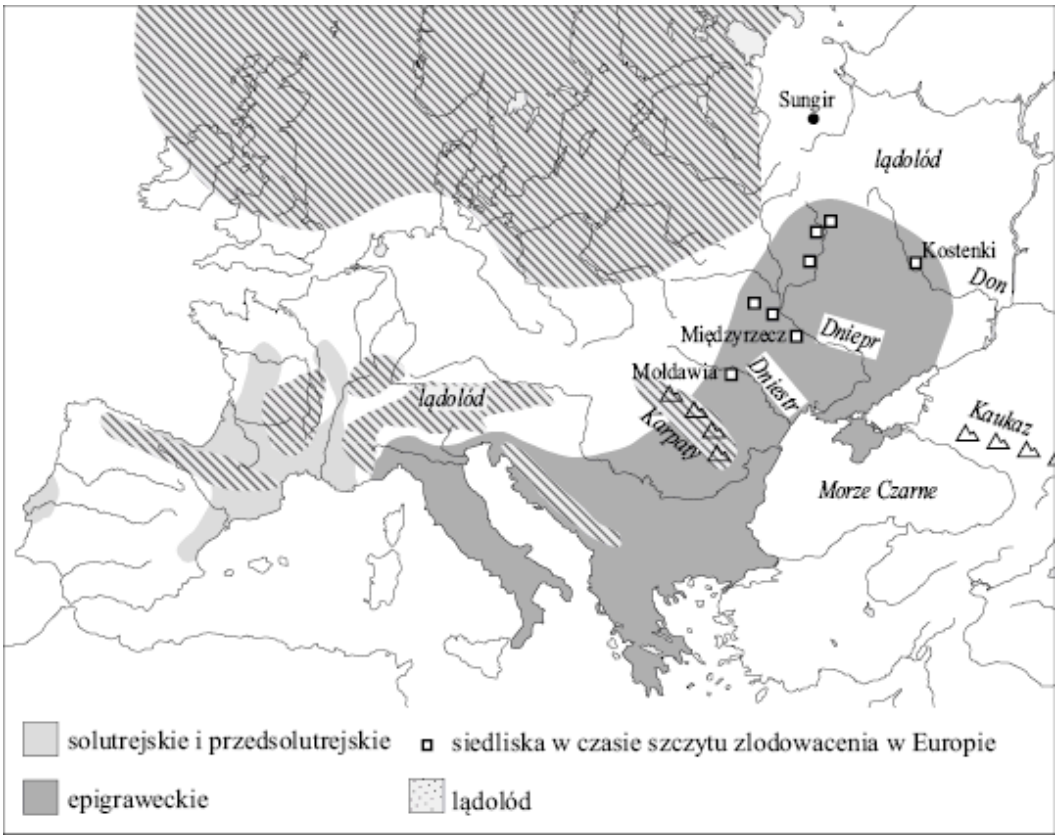
UCIEKINIERZY EPOKI LODOWEJ

Ludność Afryki cierpiała, tak jak zawsze jej przodkowie podczas wielkich mrozów przez ostatnie dwa miliony lat. Sahara rozszerzyła się, pokrywając całą Afrykę Północną; Kalahari rozpostarła się na większość Afryki Południowo-Zachodniej; suche, bezdrzewne obszary trawiaste pokryły większość kontynentu na południe od Sahary. Wielkie lasy tropikalne w Afryce Środkowej i Zachodniej skuliły się do małych wysepek w środkowej Afryce Równikowej i w południowej części Gwinei na zachodnim wybrzeżu Afryki. W Afryce Wschodniej ekspansja suchych sawann ponownie oddzieliła mieszkańców wschodu i zachodu kontynentu. Myśliwskim społecznościom pozostały jedynie krzaczaste ostępy otoczone suchym morzem traw jak wyspy (rysunek 1.6).

Gdy Europa Północna i Środkowa współzawodniczyły z Ameryką w budowie lodowych zamków, mamy prawo zaniepokoić się, co się

stało z anatomicznie współczesnymi Europejczykami. Odeszli czy wymarli, by dać miejsce innym, którzy z kolejną falą napłyną ze Środkowego Wschodu? Nasi kuzyni neandertalczycy zniknęli 10 000 lat przed szczytem zlodowacenia (zob. rozdział 2). Znaleziska archeologiczne mówią nam, że wcześniejsi Europejczycy przetrwali, lecz tak jak w Afryce, ich teren skurczył się na południe do trzech, może czterech lodowcowych stref temperaturowych. Ścieżki genetyczne również dostarczają nam olbrzymią ilość informacji o pochodzeniu i ludzkim składzie w tych ostojach uciekinierów spod lodowca.

Większość Europy Północnej pozostawała w okresie szczytu zlodowacenia niezamieszkana. Ludy paleolitu znalazły w Europie Południowej trzy główne obszary ucieczki (rysunek 6.2). Patrząc z zachodu na wschód, pierwszy obejmował części Francji i Hiszpanii po obu stronach Pirenejów i Kraj Basków. Charakteryzowały go świetnie łupane kamienne „ostrza liściaste" kultury solutrejskiej (od nazwy francuskiej wsi Solutre). Do tej południowo-zachodniej ostoi uciekinierów być może docierały technologie z północnego zachodu, co odróżniało ją od południowych azylów, których kamienną technologię opisujemy ogólnie jako epigrawecką. Drugim obszarem ucieczki były Włochy z mniej lub więcej ciągłym lokalnym zasiedleniem. Trzeci stanowiła Ukraina, wielki obszar na północ od Morza Czarnego ograniczony dwiema potężnymi rzekami Dnieprem i Donem, oddzielony od reszty Europy Południowej Karpatami, częściowo pokrytymi wówczas lodowcem. Pewne przesłanki wskazują też na zasiedlenie dwóch innych regionów Europy Środkowej: zachodniej Słowacji, tuż na południe od Karpat i Mołdawii w dorzeczu Dniestru, tuż na wschód od Karpat na północno-zachodnim wybrzeżu Morza Czarnego[271].



Rysunek 6.2. Europejskie miejsca schronienia podczas szczytu zlodowacenia. Zimno i utrata miejsc zdatnych do zamieszkania zmusiły ludzi do szukania schronienia w południowo-zachodniej Francji, w Hiszpanii, we Włoszech oraz częściach Bałkanów, na Słowacji i w Mołdawii. Paradoksalnie Ukraina i Europa Wschodnia nadal rozkwitały (zaciemnione obszary pokazują maksymalny zasięg kultur w okresie od 15 000 do 20 000 lat temu).

Te tereny w Europie Wschodniej stały się ojczyzną ostatecznego rozkwitu górnopaleolitycznej kultury łowców mamutów. Gdy zlodowacenie osiągnęło szczyt, maksimum zasiedlenia przesunęło się z zachodniej Słowacji głównie na wschód w stronę Mołdawii i Ukrainy, lecz również na południe na Węgry. To właśnie na Ukrainie i dalej na północ wzdłuż Dniepru i Dniestru w stronę Niziny Rosyjskiej znajdujemy dowody nieprzerwanej ludzkiej egzystencji, a nawet ekspansji w Europie Wschodniej podczas Wielkiego Mrozu[272].

CIĄGŁOŚĆ GENETYCZNA A OSTATNIE ZLODOWACENIE

Czy zapis genetyczny powie nam więcej o osłabnięciu i przepływie społeczności i da lepszą odpowiedź na pytanie *skąd przyszli i dokąd poszli*, niż obraz kultur wydedukowany na podstawie tego, co robili w czasie, gdy mróz trzymał ich w silnym uścisku? Ślady genetyczne rzeczywiście świetnie pasują do odkryć archeologicznych z tego okresu, a do tego mówią nam coś o wiele bardziej istotnego i ogólnego na temat europejskich korzeni: że 80% współczesnych europejskich linii genetycznych w zasadzie pochodzi od przodków, którzy byli obecni w Europie przed Wielkim Mrozem. W rozdziale 3 zobaczyliśmy, jak ważny europejski żeński klan HV rozciągnął się z Europy Wschodniej na Północną i Zachodnią, być może wieszcząc przed 33 000 lat początek wczesnego górnego paleolitu. Klan HV dzisiaj rozciąga się szeroko z prawie równomiernym rozkładem w Europie. H to linia pojedyncza, najpowszechniejsza ze wszystkich. Nie zawsze tak jest i V, specyficzny siostrzany klaster klanu H, prawdopodobnie poczęty w Kraju Basków, mówi nam dlaczego[273].

Archeologia pokazuje nam, w jaki sposób południowo-zachodnia ostoja uciekinierów w Kraju Basków ściągała kultury i prawdopodobnie ludzi z zachodniej Europy w okresie poprzedzającym szczyt zlodowacenia. Ponieważ Europę Zachodnią od Włoch oddzielają góry, moglibyśmy oczekiwać, że po okresie zlodowacenia nastąpi proces odwrotny i ludzie ruszą z powrotem z Kraju Basków na północ wzdłuż wybrzeża Atlantyku. Tak właśnie się stało w okresie postglacjalnym z żeńską podgrupą V, której największa częstotliwość, różnorodność i wiek w Kraju Basków spada przy oddalaniu się na północ, a we Włoszech trafiamy na nią nader rzadko. Linia V powstała w Kraju Basków na krótko przed szczytem zlodowacenia. Jej przodka pre-V datujemy na 26 400 lat temu, na długo przed szczytem zlodowacenia. Pre-V wciąż znajdujemy dalej na wschodzie na Bałkanach i Zakaukaziu, co odpowiada jej ostatecznemu pochodzeniu. Nawet polodowcowe daty ekspansji V (16 300 lat na zachodzie) pasują do tego scenariusza. Ten sam wzorzec widzimy w przypadku znacznika chromosomu Y w linii

Rusłana, który, jak wiemy, dotarł na północ Europy ze wschodu i zadomowił się w Europie Północnej i Zachodniej (rozdział 3). Maksimum częstotliwości Rusłana w granicach 90% znajdujemy dziś w hiszpańskim Kraju Basków, za czym idą nieco mniejsze częstotliwości w Europie Zachodniej i Północnej[274].

Natomiast Włochy, odcięte łańcuchem Alp, były w mniejszym stopniu miejscem schronienia północnych społeczności, a raczej ciepłym regionem ciągłego osadnictwa ludów śródziemnomorskich żyjących tam przed szczytem zlodowacenia. Ponownie potwierdza to wysoki udział (ponad jednej trzeciej całości) przedlodowcowych linii mtDNA znajdowanych w tym regionie. Te przykłady pokazują, że cechą charakterystyczną stref schronienia były olbrzymie ekspansje linii zrodzonych lokalnie w tych strefach podczas szczytu zlodowacenia, a także trwanie tam twardo znacznej liczby linii sprzed okresu zlodowacenia. Ta ostatnia cecha dotyczy szczególnie obszaru schronienia na Ukrainie, gdzie, jak przewidują archeolodzy, pozostało 31% przedlodowcowych linii żeńskich. Nieco mniej przekonujące są przykłady południowo-wschodniej Europy i Bałkanów, gdzie z linii przedlodowcowych pozostało zaledwie 24–26%[275].

Powinienem wyjaśnić, że przetrwanie we współczesnej Europie zaledwie 20–34% linii mtDNA sprzed szczytu zlodowacenia nie oznacza, że reszta linii znajdowanych dzisiaj musiała napłynąć do Europy z zewnątrz później. Nie, w większości były to linie lokalne. Ze wszystkich nowoczesnych linii europejskich 55% narodziło się w okresie tuż po epoce lodowcowej (późnym górnym paleolicie), ale niektóre, jak haplogrupa V, prawdopodobnie pochodzą od istniejących wcześniej linii europejskich i są prostym odbiciem polodowcowej reekspansji z obszarów schronienia – innymi słowy, to nowe odrosty ze starego pnia. Rzeczywiście świeża imigracja do Europy z Bliskiego Wschodu w okresie neolitu (od 8000 lat temu) prawdopodobnie obejmuje nie więcej niż 15% współczesnych linii[276].

Interesujące ostatnie odkrycie dotyczące genetycznej struktury południowo-wschodnich regionów Europy dotyczy znaczników Adama w Rumunii. Karpaty zostały pokryte lodowcem podczas szczytu zlodowacenia, tworząc efektywną postrzępioną barierę

między południowym wschodem Europy i regionami graniczącymi z Morzem Czarnym. Ta bariera rozszczepiała Rumunię z góry na dół. Bez lodu Karpaty dziś trudno uznać za barierę nie do pokonania, ale nadal stanowią wyraźną genetyczną granicę. Świadczy o tym obecność znaczników chromosomów Y charakterystycznych dla północno-wschodniej Europy i Ukrainy, występujących z dużą częstotliwością na wschód od Karpat, gdy tymczasem znaczniki bardziej charakterystyczne dla Europy Środkowej znajdujemy na zachodzie. Tę mikroregionalną granicę mocno zaciemnia olbrzymia dominacja głównego wschodnioeuropejskiego rodu Y linii M17, który może charakteryzować oryginalny przedlodowcowy napływ wschodniograwecki ze wschodu. Ród ten ma znaczny udział w całej Europie Wschodniej – od Polski przez Słowację i Węgry po Ukrainę. M17 wciąż występuje ze znaczną częstotliwością wśród słowiańskich ludów bałkańskich, co może potwierdzać istnienie schronienia na Bałkanach w okresie zlodowacenia[277].

AZJA PÓŁNOCNA W OKOWACH ZIMNA

Podczas szczytu zlodowacenia narosła lodowa czapa Himalajów, pustynie rozszerzyły się w pasie równoległym do 40 równoleżnika i na południe w Azji Środkowej. Zaludnienie Azji Środkowej radykalnie się zmniejszyło, choć prawdopodobnie nie zostało całkowicie zmiecione – jeśli nie gdzie indziej, to przynajmniej w Tybecie. Mogło ono efektywnie rozdzielić Azję Południową, Wschodnią i Południowo-Wschodnią od Środkowej i od północnej Eurazji, ale to nie oznacza, że życie dobiegło kresu w centrum i na północy. Podczas szczytu zlodowacenia granica zmarzliny przesunęła się mniej więcej do 50 równoleżnika. Zmarzlina nie powstrzymała zasiedlania stepowej tundry przez ludzi. Istnieje nawet dowód ludzkiego działania na północ od zmarzliny w okresie szczytu zlodowacenia, szczególnie na równinie rosyjskiej oraz dalej na północny wschód w rejonie talickim na Syberii. Łowcy-zbieracze z południowej Syberii bez przerwy zamieszkiwali w niektórych

miejscach, na przykład w Afontowej Gorze nad Jenisejem, rozwijając własną, unikatową południowosyberyjską kulturę. Pasy stepowej tundry i leśnego stepu, bogate w roślinożerców, wciąż rozciągały się od równiny rosyjskiej przez północno-wschodnią Syberię (rysunek 6.3). Pomimo ekstremalnie surowej pogody myśliwi mogli liczyć na łatwy łup, jeżeli tylko potrafili się przystosować do panujących warunków. I rzeczywiście potrafili, o czym świadczą datowane na ten okres wykopaliska archeologiczne na tych terenach[278].

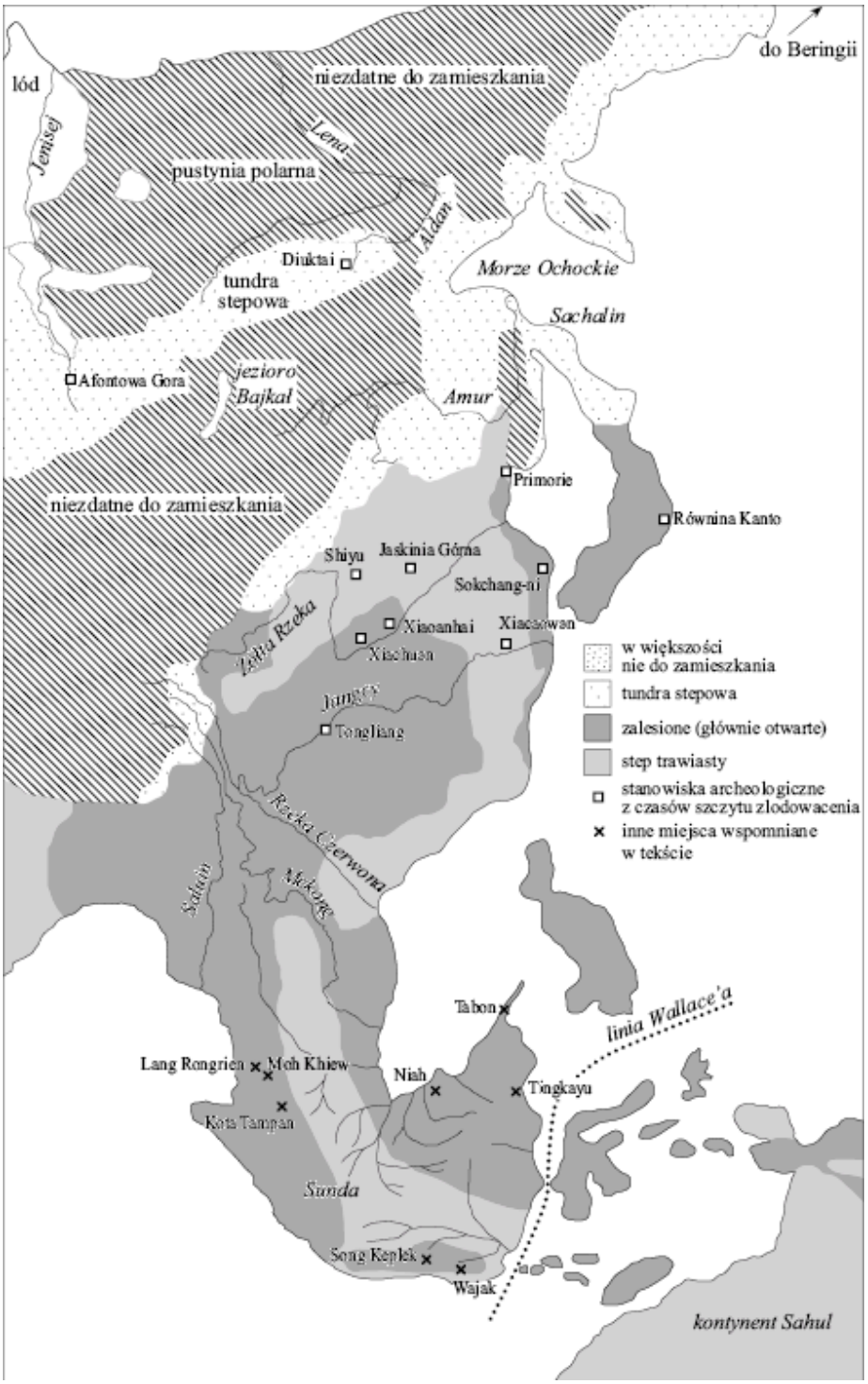
Ponownie zapis genetyczny mówi nam, że ci twardzi myśliwi z terenów zmarzliny zachowali część swoich żeńskich starożytnych linii sprzed szczytu zlodowacenia, po czym nastąpiła ekspansja pewnych podgrup w okresie odwilży. Jak wspomniałem w rozdziale 4, A, C i Z są charakterystyczne dla Azji Północnej, D zaś rozciąga się dalej na południe Chin. Z tych linii A wyraźnie trwa z czasów wcześniejszych niż szczyt zlodowacenia, tak jak różne linie Manju i Nasreen. Zatem mamy przerwę 10 000 lat aż do okresu około 17 000 lat temu, nim nastąpiła reekspansja takich linii jak warianty D, A, C i ostatecznie Z[279].

Genetyka Azji Północnej i Środkowej po prostu potwierdza to, czego możemy się spodziewać na podstawie archeologii: gdy się oziębiło, myśliwi z mamuciego stepu zmniejszyli swój zasięg i przyczaili się, by powrócić i ponownie zająć dawne tereny, gdy tylko się ociepli. Bardziej interesujące pytanie brzmi, jak wyglądali i kim są dzisiaj ich najbliżsi lokalni potomkowie. Dlaczego i kiedy mongoloidzi stali się typem dominującym w większości Azji i Ameryk? Czy genetyka powie nam coś więcej, niż mogliśmy dowiedzieć się z wykopalisk archeologicznych?

WYGNANI Z WYSOCZYZN ZIMNEGO STEPU

W ostatnim rozdziale próbowałem od początku odpowiedzieć na kilka tych pytań, szczególnie w kwestii pochodzenia mongoloidów. Pokazałem, w jaki sposób fragmentaryczne dowody sugerują południową Syberię, górny Jenisej i rejony nad Bajkałem jako

możliwe miejsca dalszej fizycznej specjalizacji północnych ludów mongoloidalnych w czasie paleolitu. Za najstarszy wykopany element eurazjatyckiego szkieletu o fizycznym typie mongoloidalnym uznano część czaszki znalezionej w Afontowej Gorze na południowej Syberii, datowany na 21 000 lat temu, tuż przed szczytem zlodowacenia (zob. rozdział 5). To jednak słaby dowód, a w żadnym innym miejscu Starego Świata, łącznie z Azją Wschodnią, nie znaleziono nic tego typu sprzed szczytu zlodowacenia ani z czasów długo potem. Co prawda wykopaliska *jakichkolwiek* szkieletów sprzed 11 000 lat są na Dalekim Wschodzie rzadkością. Ta luka w zapisie sprawia wrażenie – czasem przyjmowane za dogmat – że typ mongoloidalny nie pojawił się w Azji Wschodniej wcześniej niż przed 7000–10 000 lat, a na wyspach Azji Południowo-Wschodniej nawet znacznie później[280].



Rysunek 6.3. Europejskie miejsca schronienia podczas szczytu zlodowacenia. Większość obszarów Azji Północno-Wschodniej stała się niezdatna do zamieszkania; jednak w wąskich korytarzach stepowej tundry pozostali najwytrwalsi myśliwi. W Japonii, Chinach i na kontynencie Sunda przeciwnie –

tereny zdatne do zamieszkania znacznie się powiększyły. Gdy uciekinierzy opuścili północne stepy w szczycie zlodowacenia, do Azji Wschodniej, zwłaszcza do Japonii i Korei, dotarła technologia górnego paleolitu.

Z powodu tego braku świadectw archeologicznych trudno wytłumaczyć, dlaczego dzisiaj 99% ludności w tym regionie cechuje fizyczny typ mongoloidalny. Co więcej, jest to typ najliczniejszy na świecie, a w dodatku ponieważ rdzenni Amerykanie są również uważani za mongoloidów i – z kilkoma wyjątkami – reprezentują typ Sinodont, nim Kolumb dotarł do Ameryki, nieodwracalnie zmieniając bieg historii, był to również typ najbardziej rozpowszechniony geograficznie, zajmujący największe na świecie tereny.

Nie trzeba bardzo wysilać wyobraźni, by uświadomić sobie, że północnomongoloidalne ludy ewoluowały, przystosowując się do myślistwa w trudnych, wietrznych i zimnych warunkach geograficznie odizolowanych regionów południowej Syberii. Łowiectwo i zbieractwo były w tych czasach zajęciem wszystkich ludów. A więc w jaki sposób ci łowcy-zbieracze po epoce lodowcowej tak gwałtownie zajęli i zdominowali ponad połowę świata? Ta niezwykła historia czeka na odkrycie, a kluczem być może są geny. Jeżeli przyjmiemy późne rozproszenie mongoloidów, czeka nas problem ustalenia, kiedy skolonizowali Amerykę. W następnym rozdziale przyjrzymy się dowodom archeologicznym i genetycznym, by przekonać się, że te drugie wskazują, iż wszystkie główne, założycielskie linie genetyczne pojawiły się w Ameryce przed szczytem zlodowacenia.

Mając w pamięci historię pionierów amerykańskich, uważam, że koncepcja, iż mongoloidzi rozproszyli się po Azji Wschodniej i Południowo-Wschodniej dopiero w ciągu kilku ostatnich tysiącleci, jest prawdopodobnie fałszywa, ponieważ większość linii genetycznych charakterystycznych dla południowych mongoloidów ma korzenie w tym regionie. Nie ma żadnej oczywistej przyczyny, dlaczego grupa wysoko wyspecjalizowanych myśliwych miałaby się rozlać tak gwałtownie i zdominować Azję Wschodnią na początku neolitu, później niż 10 000 lat temu. Myślę, że mongoloidzi pojawili się i rozpoczęli ekspansję znacznie wcześniej i procesy te zachodziły

pulsująco aż do naszych czasów. Przed zagłębieniem się w szczegóły w dwóch kolejnych akapitach naszkicujmy, co – jak sądzę – zdarzyło się w Azji Wschodniej. Z powodu braku silnych archeologicznych dowodów znaczna część moich spekulacji jest oparta na śladach genetycznych.

Przez okres górnego paleolitu od 40 000 lat temu po szczyt zlodowacenia między Wyżyną Tybetańską i południową Syberią rozciągały się olbrzymie, częściowo zalesione tereny łowieckie. Żyli tam zręczni łowcy, dziedziczący geny z różnych szeroko rozproszonych i oddzielonych od siebie części Azji (zob. rozdział 5). Przede wszystkim sądzę, że Dale Guthrie ma częściowo rację, iż północni mongoloidzi najlepiej ze wszystkich przystosowali się do ekstremalnych mrozów i wiatrów na wysoko położonych terenach południa i wschodu swej ojczyzny. To raczej na zachodnich i niżej położonych terenach myśliwi mogli być z wyglądu bardziej podobni do Europejczyków. Gdy zlodowacenia zaczęły ujmować ziemię w lodowym uścisku, odczuli to wszyscy łowcy na wysoko położonych terenach. Ci na południu w południowo-wschodniej części Tybetu zostali zmuszeni do opuszczenia wysoko położonej, zimnej i suchej Wyżyny Tybetańskiej i ruszenia w dół wielkich rzek azjatyckich do Chin i Indochin. Uciekli w dół Brahmaputry do Assamu, wzdłuż Mekongu do Indochin, a na wschodzie w dół Jangcy do południowych Chin. Żyjący na Wyżynie Tybetańskiej w północno-wschodniej części Tybetu zostali natomiast przegnani w dół Żółtej Rzeki do północnych Chin. Polujący dalej na północy na 40 równoleżniku na wyżynie Xinjiang i w Mongolii zostali przez rozszerzające się na południu Azji Środkowej pustynie Taklamakan i Gobi zepchnięci jeszcze dalej na północ, znajdując schronienie na południowej Syberii w takich miejscach jak Afontowa Gora nad Jenisejem (rysunek 6.4).

W tym przesuwaniu się myśliwych na północ w poszukiwaniu cieplejszej krainy problemem było zbliżanie się do północnego koła podbiegunowego, co zwiększało ryzyko znalezienia się w strefie zimniejszej i bardziej wietrznej. Istniała tylko jedna droga ucieczki z tej północnej pułapki – na północny wschód. Mogli przesuwać się wzdłuż wąskiego języka stepowej tundry po obu stronach Leny

do Jakucka, a potem na wschód do Morza Ochockiego, gdzie w klimacie przybrzeżnym temperatury były wyższe. Niski poziom mórz w tym czasie odsłonił szerokie niziny rozciągające się w głąb Morza Ochockiego. Inna trasa ucieczki znad Bajkału na wybrzeże Pacyfiku wiodła nieco dalej na południe w dół Amuru. To nieco cieplejsze północno-zachodnie wybrzeże Pacyfiku było drogą do Ameryki. Takie rozśrodkowanie z Azji Środkowej w trzech kierunkach mogło w kilku przypadkach doprowadzić mongoloidów wstecz w okolice wschodniego wybrzeża Azji, z których ich przodkowie co najmniej 20 000 lat wcześniej powędrowali niegdyś w głąb lądu.

Choć zaludnienie południowych Chin mogło wzrosnąć w wyniku ucieczki mongoloidów z wyżynnych stepów, to jednak na podstawie śladów genetycznych możemy sądzić, że większość linii mtDNA w Azji Południowo-Wschodniej jest lokalna i zawsze tam była. Takie grupy jak B i F, które uznajemy za typowe dla społeczeństw mongoloidalnych, są na południu lokalnie starożytne[281]. Historia zatoczyła koło, ale tym razem wybrzeża wyglądały zupełnie inaczej.

WIĘCEJ LĄDU NA WYBRZEŻU

Okres szczytu zlodowacenia nie był tylko czasem zmniejszania się terytoriów zamieszkanych przez ludzi i szukania przez nich miejsc schronienia. Paradoksalnie, dzięki obniżaniu się poziomu morza więcej terenów otwierało się dla ludzkiej kolonizacji, niż było traconych z powodu zmrożenia. Wielkie części azjatyckiego wybrzeża od Indii po Syberię rozciągały się teraz setki kilometrów dalej w głąb szelfu kontynentalnego. Syberia połączyła się z Ameryką, tworząc nowe ziemie zwane Beringią. Wyschły morza Wschodniochińskie i Żółte. Japonia połączyła się z głównym lądem Azji przez Sachalin. Północne regiony przybrzeżne były cieplejsze od stepów Azji Środkowej. Australia i Nowa Gwinea połączyły się, tworząc kontynent Sahul. Subkontynent indyjski zyskał nowe tereny i połączył się ze Sri Lanką. Najwięcej w okresie szczytu zlodowacenia zyskała Azja

Południowo-Wschodnia, Morze Południowochińskie, Zatoka Tajlandzka i Morze Jawajskie bowiem wyschły, łącząc Indochiny, Malezję i największe wyspy Indonezji w jeden wielki patchwork lasów i sawann, wielką masę lądu zwaną Sunda, o powierzchni dwukrotnie większej od Indii (rysunek 6.3)[282].

Nie był to zwykły teren pozyskiwany od morza i kuszący ludzi, by go kolonizowali w miarę narastania lodowych warstw. Połączenie Syberii z Alaską dało ludziom pierwszą okazję wstąpienia na wielki obszar obu Ameryk suchą stopą. Uczynili to na ostatnim etapie wzrostu lodowców w czasie szczytu zlodowacenia. Pasuje to do poglądu, że przekroczenie Beringii (dziś Cieśniny Beringa) w okresie tak wielkiego zimna było wynikiem pogarszających się warunków życia w Azji.

Odśrodkowe rozpraszanie się mongoloidalnych łowców-zbieraczy wzdłuż wielkich rzek azjatyckich w stronę wybrzeża Pacyfiku (rysunek 6.4) niekoniecznie musiało oznaczać zastępowanie żyjących tam potomków przeszukiwaczy plaż. Jest bardziej niż prawdopodobne, że powstał patchwork kolonii, który przetrwał długo, prowadząc w końcu do zmieszania się nowej puli genów ze starą. Bardzo rozszerzone wybrzeża północnych Chin, Korei, Japonii i lądu Sunda porastały lasy, a na subtropikalnych nizinach nowi imigranci, uciekający ze stepów Azji Środkowej, mogli znaleźć naturalne tereny przydatne do osiedlenia. Początkowe osadnictwo nowych przybyszów mogło więc częściowo przepłynąć bokiem, omijając osady reliktowych ludów dawnego szlaku przeszukiwaczy plaż.

Gdy powróciło morze, wielkim przypływem po stopieniu się lodów, wiele archeologicznych śladów zasiedlenia poszerzonych wybrzeży mogło zostać zmytych. Pozostałości tego osadnictwa epoki lodowej możemy spodziewać się jedynie w rejonach stromych wybrzeży i szelfu kontynentalnego, jak w Japonii i na kilku wyspach Indonezji. Na resztki przedlodowcowych społeczności przeszukiwaczy plaż możemy również trafić jedynie w miejscach geograficznie odosobnionych lub odciętych podczas wznoszenia się poziomu morza, takich jak Japonia.

Rysunek 6.4. Odśrodkowe migracje z Azji Środkowej w okresie szczytu zlodowacenia. Maksimum ostatniego zlodowacenia zmusiło mieszkańców Azji Środkowej do powrotu dolinami rzek, którymi przybyli 20 000–40 000 lat wcześnej. Oznacza to wędrówkę mieszkańców Syberii głównie do Azji Północno-Wschodniej i Ameryki (Polo i Kain). Ludność z Xinjiangu i Wyżyny Tybetańskiej powędrowała do Chin i Indochin, a potem z Indochin do Azji Południowo-Wschodniej (Kain i Ho). Jedynie niewiele genów mogło przekroczyć linię Wallace'a, by za nią sformować kolonie. Obraz mtDNA jest podobny.

Powinienem podkreślić, że prezentowany przeze mnie pogląd o rozproszeniu mongoloidów różni się od ortodoksyjnej

archeologicznej rekonstrukcji zdarzeń nie tylko datami, lecz także ruchami ludów. Niektórzy badacze prehistorii wyspiarskiej Azji Południowo-Wschodniej, w tym Australijczyk Peter Bellwood, preferują jednorazowe zastąpienie starszych australo-melanezyjskich łowców-zbieraczy na Wyspie Azji Południowo-Wschodniej mongoloidami z Tajwanu, położonego dalej na północ u wybrzeży Pacyfiku. Przy takim podejściu australo-melanezyjscy łowcy-zbieracze pasowaliby lepiej do semangijskich „Negrytów" (zob. rozdział 5). Bellwood twierdzi ponadto, że zajmującą nowe tereny społeczność mongoloidów stanowili neolityczni farmerzy z południowych Chin, którzy dotarli drogą morską przez Tajwan i Filipiny zaledwie 4000 lat temu. W innym miejscu przedstawiłem kontrdowód tej teorii[283].

Po pierwsze, twierdzę, że ekspansja mongoloidów i ich reekspansja na wschód i południowy wschód rozpoczęła się wcześniej, mniej więcej w czasach szczytu zlodowacenia przynajmniej 18 000 lat temu. Korzystali głównie z dróg lądowych wówczas i okazjonalnie również potem. Faktycznie, być może największa ekspansja ludności w wyspiarskiej Azji Południowo-Wschodniej przed naszą erą nastąpiła niedawno z początkiem epoki metalu na wyspach, mniej więcej w ostatnich kilku stuleciach przed Chrystusem, wraz z szybkim rozwojem uprawy ryżu[284].

Drugą kwestią jest fakt, że nie było wyłącznie dwóch grup, mongoloidów migrujących z biegiem rzek z północy i semangijskich lub pokrewnych łowców-zbieraczy rywalizujących o ziemie Azji Południowo-Wschodniej. Trwała także ekspansja innych grup, w tym południowych mongoloidów, którzy mogli zajmować południowo-wschodni azjatycki szelf kontynentalny i znaczną część wybrzeża Pacyfiku od bardzo, bardzo dawnych czasów i być może byli przodkami wszystkich ludów mongoloidalnych.

Grupę tubylczych mongoloidów południowych identyfikujemy najlepiej za pomocą ich unikatowych zespolonych znaczników genetycznych, dominujących w tym regionie[285]. Wyglądali prawdopodobnie raczej jak niektóre obecne mniejszości z południowo-wschodnich Indochin, zwłaszcza jedna grupa malajskich Aborygenów z dalszego południa Półwyspu Malajskiego.

Ci ostatni mają także kilka wspólnych cech mongoloidalnych z malajską większością. Z tego punktu widzenia aspekt tak zwanego południowomongoloidalnego wyglądu może być kwestią znacznie dawniejszą. Jak zobaczymy, cechy mogące służyć identyfikacji ich przodków to znacznie więcej niż geny i zęby.

Aborygenów malajskich wraz ze znaczną większością innych południowo-wschodnich Azjatów możemy identyfikować jako należących do typu Sundadont. Pod względem kształtu uzębienia są nawet bliżsi społeczności pacyficznych, w tym Polinezyjczyków i na tej podstawie mogą być uważni za przodków Sinodont z dalszej północy (zob. rozdział 5 i rysunki 5.2 oraz 5.4)[286]. Mówiąc w skrócie, południowi mongoloidzi mogą zamieszkiwać na południu od czasów jeszcze sprzed szczytu zlodowacenia.

POLODOWCOWA AZJATYCKA INWAZJA NA TERENY AZJI POŁUDNIOWO-WSCHODNIEJ I OCEANII

Jak już mówiłem, moja rekonstrukcja jest oparta bardziej na zapisie genetycznym niż skąpych resztkach szkieletów i zapisach archeologicznych. Moje zainteresowania prehistorią genetyczną po raz pierwszy obudziła genetyka medyczna, gdy pracowałem na południowo-zachodnim Pacyfiku na początku lat osiemdziesiątych XX wieku. Dokonane przeze mnie odkrycia sugerowały, że inaczej niż przedtem myślano, Australo-Melanezyjczyków w Australazji i na wyspach Pacyfiku zastąpiły raczej wczesne migracje lokalnych typów genetycznych z Azji Południowo-Wschodniej na Nową Gwineę i wyspy Melanezji niż olbrzymia, *późna* migracja mongoloidów z Chin[287]. Zacznę więc od genetycznych dowodów datowania mongoloidalnej ekspansji na Azję Południowo-Wschodnią i Oceanię.

W rozdziale 3 wyjaśniłem, w jaki sposób kilka z najlepszych kombinacji dowodów archeologicznych, fizykalnych i genetycznych ze szlaku wczesnego wyjścia z Afryki zostało pozyskanych pośrednio z końcowych punktów drogi w Malezji, Australii i Nowej Gwinei. Opisałem również, jak głęboko rozgałęzione linie genetyczne

w Australii i na Nowej Gwinei różniły się między sobą, co wskazywało na starożytność tamtejszej kolonizacji. Unikatowa genetyczna osobowość tak wczesnych przybyszów pozwala nam jasno zidentyfikować wszystkich, którzy przybyli później, i zobaczyć, skąd przybyli. Równie przydatna jest umiejętność datowania i szacowania wielkości późniejszych migracji.

Zgodnie z takim podejściem angielski genetyk Martin Richards i ja zasugerowaliśmy, że według aktualnych poglądów przodkowie Polinezyjczyków – wielcy pionierzy zasiedlenia Pacyfiku sprzed 3500 lat – w większości różnili się od najdawniejszych mieszkańców regionu Nowej Gwinei i nie nadeszli z Tajwanu, z dalszej północy, jak się powszechnie uważa, lecz z Azji Południowo-Wschodniej. Ponadto, choć linie Polinezyjczyków były na Pacyfiku napływowe, ich przodkowie prawdopodobnie dotarli do wschodniej Indonezji z Indochin dawniej niż 17 000 lat temu[288]. Linie przez nich przyniesione były odgałęzieniami tych, które znaleziono w południowo-wschodniej części głównego lądu Azji, a jedną szczególną linią starożytną (mtDNA haplogrupa B4) dzielili się z tymi, którzy rozproszyli się w Ameryce po dotarciu tam wzdłuż północnej krawędzi Pacyfiku. Oprócz łączenia Amerykanów z rozproszeniem z Azji Południowo-Wschodniej, ta interpretacja sugeruje również datowanie pierwszych migracji z głównego obszaru Azji Południowo-Wschodniej na okres zbliżony do szczytu zlodowacenia. Richards i ja kontynuowaliśmy badanie znaczników migracji z Azji Południowo-Wschodniej, co doprowadziło do opisanej w tej książce pracy nad ludami aborygeńskimi z Półwyspu Malajskiego.

Kilku innych genetyków również datowało lokalne klastry linii azjatyckich, męskich i żeńskich, które przeszły z lądu głównego Azji Wschodniej do Azji Południowo-Wschodniej i na Pacyfik. Genetyk z Cambridge Peter Forster datował kilka takich klastrów kolonizatorskich, co mogło odzwierciedlać wzrost lokalnej populacji na południowo-zachodnim Pacyfiku. Jeden z nich był lokalną wersją wschodnioazjatyckiej haplogrupy E, obecnie znajdowanej również w Malezji i Sabahu (północno-wschodnim Borneo). Południowo-wschodni azjatycki klaster E datował na 12 100 lat. Inny, subklan

głównej południowo-wschodniej, azjatyckiej haplogrupy F, znaleziony w Wietnamie i w Malezji, szacował na 9100 lat. Forster odkrył również, że jedna wersja haplogrupy B4 przybyła do Nowej Gwinei z Azji wcześniej niż 12 500 lat temu. Te wszystkie odkrycia potwierdzają moją opinię, że rozproszenie ludności Azji Wschodniej na Azję Południowo-Wschodnią i południowy Pacyfik następowało w sposób ciągły mniej więcej od czasu szczytu zlodowacenia, na długo przed neolityczną rewolucją. Innymi słowy, typowe linie wschodnioazjatyckie rozszerzały zasięg na region Azji Południowo-Wschodniej i dalej na wschód na Melanezję daleko wcześniej, niż rolnictwo mogło nadać impet kolonizacji tych regionów. Podobne polodowcowe daty rozproszenia znajdujemy dla dotarcia chromosomów Y z Azji Wschodniej[289].

Daty same z siebie nie są w stanie pokazać zasięgu przepływu genów z Indochin przez wyspy Azji Południowo-Wschodniej do Melanezji w okresie polodowcowym. W 1994 roku włoski genetyk Antonio Torroni z kolegami dokonał znaczącego przełomu, identyfikując siedem wschodnioazjatyckich klanów żeńskich, oznaczonych literami od A do G, obecnych w pełni w Tybecie i w różnym stopniu w innych częściach głównego lądu Azji (na temat A-G zob. rozdział 5). Te siedem grup wschodnioazjatyckich razem z ostatnio zidentyfikowaną głęboko wschodnioazjatycką linią M7 znajdujemy – patrząc w skrócie – u 85% Koreańczyków, 79% południowych Chińczyków Han, 75% Wietnamczyków, 25% Malajów, 44% ludności Sabahu i 20% mieszkańców Nowej Gwinei[290].

Tak jednostajny spadek linii żeńskich w Azji Południowo-Wschodniej w miarę posuwania się od Azji Wschodniej po Nową Gwineę wskazuje *implicite* na proporcjonalny wzrost linii miejscowych w miarę oddalania się od Azji. Grupy z badań Torroniego z najmniejszą liczbą identyfikowalnych linii typowych dla Azji Wschodniej były jednak obecne na głównym lądzie Azji Południowo-Wschodniej – to Orang Asli, aborygeńskie ludy dżungli interioru Półwyspu Malajskiego.

Z Martinem Richardsem i malajskimi kolegami udało nam się potwierdzić ten obraz o wiele bardziej szczegółowym studium

o Orang Asli (zob. również w rozdziale 5). Dwie kluczowe aborygeńskie grupy, na które wpływ miała ostatnia imigracja, to Semangowie i Aborygeni malajscy. Ci pierwsi mieli tylko 22% typowych wschodnioazjatyckich linii genetycznych. Pozostaje to w zgodzie z faktem, że negryccy Semangowie są bardzo izolowanym ludzkim reliktem. Jednakże wielką niespodziankę sprawili mi południowi, mongoloidalni Aborygeni malajscy. Chociaż tylko jedna czwarta z nich miała typowe linie wschodnioazjatyckie, na połowę reszty składały się dwie główne gałęzie azjatyckich przodków. Jedna z nich (jedna czwarta wszystkich linii) powstała nieco wcześniej, ale z tej samej gałęzi co eurazjatycka supergrupa rodowa Nasreen. Innymi słowy, była bliźniaczą siostrą Nasreen, jednej z dwóch córek Ewy, która opuściła Afrykę. Tej pramatczynej „pre-Nasreen" nigdy wcześniej nie znaleziono. Kolejną niespodzianką była pozostała jedna czwarta linii należąca do gałęzi pre-F. Ponieważ F jest główną, żeńską linią założycielską dla Azji Wschodniej i Południowo-Wschodniej, silnie wspiera to mój pogląd wyłożony w rozdziale 5, że takie południowe populacje mongoloidalne reprezentują ostateczny geograficzny i genetyczny matecznik rodowy mongoloidów[291].

Wracając do czasów bliskich szczytu zlodowacenia, warto zauważyć, że te ekscytujące nowe odkrycia genetyczne są zgodne z poglądem, że dzisiejsi odizolowani Aborygeni malajscy i Semangowie mają najmniej domieszek, a więc są najbliżsi typów z Półwyspu Malajskiego sprzed mongoloidalnych ekspansji z dalszej północy. Pozostaje do sprawdzenia, w jakim stopniu napływ północnych mongoloidalnych linii żeńskich objawił się ostatnio wśród południowo-wschodnich populacji azjatyckich.

Przykładem tendencji do silniejszej męskiej penetracji przez międzynarodowe granice typowych znaczników męskiego chromosomu Y w Azji Wschodniej jest pojedynczy marker Ho (zob. rozdział 5), który kompletnie zdominował Indochiny i wyspiarską Azję Południowo-Wschodnią, w różnych regionach w zakresie od 54 do 97%, z gwałtownym spadkiem na linii Wallace'a (biegnącej południowo-wschodnią granicą kontynentu Sunda i oddzielającej go i resztę Azji od wysp Indonezji Wschodniej, Nowej Gwinei i Australii

– rysunki 5.3 i 6.4). Jednakże, ponieważ Ho pochodzi prawdopodobnie z Azji Południowo-Wschodniej, nie ma powodu, by przypuszczać, że ta dominacja jest odbiciem najazdu północnych mongoloidów, i należy raczej uznać ją za prostą reekspansję z Azji Południowo-Wschodniej po szczycie zlodowacenia[292].

Zatem dowody genetyczne potwierdzają opinię, że linie wschodnioazjatyckie rozszerzyły się na południe Azji Południowo-Wschodniej, poczynając od 18 000 lat wstecz (szczyt zlodowacenia) i proces ten trwa po dziś dzień. To długa droga do wyjaśnienia zmieniającej się mieszanki mongoloidalnych i niemongoloidalnych cech wśród południowych ludów mongoloidalnych obecnie dominujących w Azji Południowo-Wschodniej aż po granicę na linii Wallace'a.

Niemongoloidalni „Negryci" ze swym niezróżnicowanym uzębieniem (Semangowie – zob. rozdział 5) w dżungli środkowej Malezji mogą zatem reprezentować odizolowane, stosunkowo bezdomieszkowe, reliktowe populacje pochodzące od oryginalnych przeszukiwaczy plaż sprzed mongoloidalnej ekspansji. Semangowie przetrwali zapewne w gąszczu dżungli jak nienaruszone wyspy genetyczne, które opłynęły napływowe fale.

Inna społeczność odizolowana w malajskiej dżungli to Aborygeni malajscy, których uzębienie i geny dają nam klucze do poznania pokrewieństwa społeczności należących do typu Sundadont z Azji Południowo-Wschodniej i Sinodont z dalszej północy.

MATERIALNY DOWÓD NAJWCZEŚNIEJSZEGO ROZPROSZENIA MONGOLOIDÓW W AZJI POŁUDNIOWO-WSCHODNIEJ

Najnowszym osiągnięciem archeologicznym jest odkrycie resztek mongoloidalnego szkieletu w Song Keplek, krasowej jaskini w okolicy Gunung Sewu na Jawie, datowanego na 7000 lat temu. To na długo przed rozpoczęciem uprawy ryżu w Indonezji, co wystawia na ciężką próbę ugruntowaną opinię o wtargnięciu mongoloidów do wyspiarskiej Azji Południowo-Wschodniej z nastaniem epoki

uprawy ryżu. Od szczytu zlodowacenia aż po 10 000 lat temu żadna bariera nie przeszkadzała mongoloidalnej ekspansji aż po linię Wallace'a na Bali. Gdy mongoloidalni intruzi dotarli do Bali i Borneo, krocząc suchą nogą z Azji, dalszą drogę zagrodziło im morze. Nie była to przeszkoda nie do przezwyciężenia, co wiemy na podstawie wypraw wczesnych Australijczyków, ale na pewno musiała spowolnić przepływ populacji i genów (rysunek 6.4). Odpowiednio wschodnia Indonezja po drugiej stronie linii Wallace'a jest strefą graniczną dla pewnych grup mających cechy negryckie i innych mongoloidalnych. Nim miniemy Nową Gwineę, po drugiej stronie strefy przejściowej złożonej z Moluków i innych rozsianych po oceanie wysp wschodniej Indonezji większość lokalnych mieszkańców ma charakterystyczne melanezyjskie kręcone włosy i ciemną cerę. Ludność Nowej Gwinei jest pod wieloma względami morfologicznie podobna do Negrytów z Półwyspu Malajskiego, odległego tysiące kilometrów na zachód[293].

Oprócz obrazu, jaki dotąd nakreśliłem, istnieje wersja ortodoksyjna, zgodnie z którą aż do ostatnich czasów Azję Południowo-Wschodnią zamieszkiwali wyłącznie australo-melanezyjscy łowcy-zbieracze. Z uwagi na niedostatek jakichkolwiek ludzkich pozostałości na obszarach lądów pozostałych po podniesieniu się poziomu mórz po stopnieniu lodowców to założenie pozostaje punktem widzenia wielu badaczy. Jakie dowody nie potwierdzają tego australo-melanezyjskiego punktu widzenia? Najstarszym dotąd udokumentowanym fragmentem szkieletu anatomicznie współczesnego człowieka z jakiegokolwiek rejonu Azji Południowo-Wschodniej jest słynna „głęboka czaszka" z jaskiń Niah na Borneo, datowana węglem na około 42 000 lat temu. W przeszłości jej posiadacza nazywano „smukłym australo-melanezyjczykiem" zwłaszcza z powodu podobieństwa do już wymarłych Tasmańczyków. Jak jednak wskazuje antropolog i archeolog David Bulbeck, stosunkowo smukli Tasmańczycy nie byli typowymi australoidami ani Malenezyjczykami, a podobna do nich czaszka z Niah wykazuje podobieństwo do aborygeńskich Ajnów w Japonii. Bulbeck wyciągnął podobne wnioski w przypadku innej

starożytnej czaszki, a właściwie jej fragmentu z jaskini Tabon na Filipinach, datowanego na mniej więcej 20 000 lat[294].

Dwie słynne ludzkie czaszki znalezione pod koniec XIX stulecia w Wajaku na Jawie zogniskowały różne rekonstrukcje ludzkiej prehistorii tego regionu. Przez ponad stulecie uważano je za pochodzące sprzed szczytu zlodowacenia i reprezentujące wczesny typ protoaustralijski. Jednak całkiem odmienne spojrzenie proponuje pewna liczba antropologów, którzy wskazali, że czaszki z Wajaku nie wykazują żadnych podobieństw do Australijczyków w żadnym starożytnym okresie. Zamiast tego uznano je za wczesnomongoloidalne lub nawet identyczne z czaszkami współczesnych (mongoloidalnych) Jawajczyków, choć mocniej zbudowane. Najbardziej przekonująco argumentuje David Bulbeck, twierdząc, że są tak samo jak Ajnowie częścią populacji osiedlającej się na kontynuacji lądu Sunda na wybrzeżu Pacyfiku. Podczas gdy wcześniejsze badania z uporem uznawały czaszki z Wajaku za plejstoceńskie – sprzed (lub znacznie sprzed) 10 000 lat, dwa ostatnie datowania sugerują, że mają 10 560 lub 6560 lat, co lokuje je raczej w poprzedzającym rolnictwo wczesnym holocenie[295].

Oczywiście istnieje możliwość, że czaszki z Niah, Tabonu i Wajaku są dowodem wczesnej obecności pierwszych mongoloidalnych lub premongoloidalnych typów na wyspach Azji Południowo-Wschodniej i mogą określać datę tej obecności. Może to w ogóle nie być pojedyncza data, jeżeli przemiana w południowych mongoloidów była stopniową, lokalną ewolucją. Stwarzałoby to problem dla ortodoksyjnej teorii późnego nastania mongoloidów. Choć nie jest dowodem pojawienia się cech mongoloidalnych na wyspach Azji Południowo-Wschodniej w okresie szczytu zlodowacenia, ale sugeruje ich dotarcie do Jawy sporo przed okresem neolitu, który jest zwykle uznawany za czas ich przybycia. Podsumowując, możemy powiedzieć, że zarówno fizykalne, jak i genetyczne dowody wskazują, iż Aborygeni malajscy mogą okazać się potomkami najwcześniejszych południowych mongoloidów, co zdaje pobrzmiewać w ich oryginalnej nazwie: „proto-Malajów”[296].

CZY MONGOLOIDZI ZASTĄPILI LUDNOŚĆ CHIN?

Jeżeli teraz zwrócimy się na północ, możemy ujrzeć podobny obraz polodowcowej, lokalnej ekspansji klastrów mitochondrialnego DNA wzdłuż wybrzeża Pacyfiku od południowych Chin po północną Azję, co odzwierciedla przepływ uciekinierów z równin Azji Środkowej i następującą po nim ekspansję wzdłuż wybrzeża. Z tych genetycznych ekspansji najbliższa szczytu zlodowacenia jest część powszechnej, azjatyckiej haplogrupy D w wieku 16 800 lat. Jedna podgrupa D, charakterystyczna dla Aborygenów czukockich z dalekowschodniej Syberii, jest datowana na 14 900 lat temu. Inne zawierają typy A2 (11 200 lat) i C (10 800 lat)[297].

W Chinach i na wybrzeżu Pacyfiku ponownie trafiamy na reliktowe, aborygeńskie grupy przybrzeżne z okresu przed przybyciem mongoloidów, odizolowane tym razem nie przez dżunglę, lecz przez morze. Jedną z tych grup są dobrze znani Ajnowie z północnej Japonii. Ajnowie pochodzą od ludów kultury Jōmon z Japonii, które 12 500 lat temu wykonywały jedne z pierwszych na świecie garnków. Późniejsza mongoloidalna imigracja z lądu Azji koreańskich Yayoi prawie całkowicie zastąpiła oryginalną populację i współcześni Ajnowie reprezentują różne stopnie domieszek. Istnieją wystarczające podobieństwa między prehistorycznymi czaszkami reprezentantów kultury Jōmon, japońską czaszką z epoki lodowcowej, Minatogawa 1 z Okinawy (datowana na okres od 16 600 do 18 250 lat temu), i czaszkami współczesnych Ajnów, aby uznać ich pochodzenie z jednej ciągłej linii dziedziczenia. Jak wspomniałem powyżej, te grupy z basenu Pacyfiku mogą reprezentować przedmongoloidalne podłoże[298].

W rezultacie izolacji Japonia prawdopodobnie przyjmowała ostatnich mongoloidalnych imigrantów Yayoi jeszcze 2300 lat temu. Uważa się, że to zdarzenie musiało pozostawić genetyczny ślad. Badania przeprowadzone w różnych częściach Japonii sugerują, że ślady ludów kultury Jōmon może charakteryzować znacznik YAP+ Abel, jednej z najstarszych grup przeszukiwaczy plaż, jacy wyszli z Afryki. Na Okinawie rzadki azjatycki znacznik YAP+ osiąga

częstotliwość 55%. Inny znacznik Y przeszukiwaczy plaż, Kain, występuje wśród Japończyków z częstotliwością do 10%[299].

Czaszka Minatogawa 1 wykazuje podobieństwa z dwiema innymi słynnymi starożytnymi czaszkami chińskimi: Upper Cave 101 (Górna Jaskinia 101) i Liujiang. Pierwsza pochodzi z Zhoukoudian (Wzgórza Smoczej Kości) w północnych Chinach i choć datowania nie są jednoznaczne, ma na pewno ponad 10 000 lat, a prawdopodobnie jej wiek sięga okresu przedlodowcowego. Czaszka Liujiang pochodzi z południa Chin (zob. rozdział 4). Australijski lekarz i antropolog Peter Brown nie zgadza się z twierdzeniem, że te trzy raczej krzepkie czaszki mają cechy protomongoloidalne. Na jego wykresach bliżej im do australijskich Aborygenów niż do współczesnych Azjatów, choć do tych pierwszych nie są szczególnie podobnie[300].

Ten dowód jest zgodny z poglądem, że do czasów ekspansji mongoloidów przedlodowcowa populacja Chin i wybrzeża Pacyfiku mogła wciąż przypominać pierwszych osadników przeszukiwaczy plaż, a ich genetyczne dziedzictwo może nadal trwać. Drugi starożytny znacznik Y przeszukiwaczy plaż, typowy dla linii Kaina, jest znajdowany także w Azji Północnej, lecz tym razem w głębi lądu i na wybrzeżu, wśród ludów znad Amuru i Morza Ochockiego, z Mongolii oraz środkowej i północnej Syberii (rysunek 6.4). W tych rejonach liczebność reprezentantów linii Kaina, normalnie występująca w drobnej mniejszości, osiąga 50–90%[301]. Fakt, że ten starożytny północnoazjatycki znacznik przeszukiwaczy plaż jest wciąż obecny, pozostaje w całkowitej zgodzie z dowodami czaszek, które sugerują, że niemongoloidalna populacja przodków przetrwała w tym regionie aż do czasów szczytu zlodowacenia.

KULTUROWE DOWODY AZJATYCKIEGO ROZPROSZENIA

Czy oprócz czaszek z Wajaku istnieje inny archeologiczny dowód potwierdzający obecność starożytnych paleolitycznych społeczności Azji Północnej i Wschodniej, infiltrowanych i zastąpionych przez napływ mongoloidów ze stepów Azji Środkowej przed 20 000 lat?

Tak, ale z zastrzeżeniami. Interpretacja znalezisk archeologicznych z Azji Północno-Wschodniej, Chin i Korei (a także z Azji Południowo-Wschodniej) z okresu od 5500 do 25 000 lat temu jest ograniczona brakiem znalezisk archeologicznych z wybrzeża. Powodem jest wysoki obecnie poziom mórz i pokrycie wodą miejsc, w których najchętniej mogli zamieszkiwać przybysze (zob. wyżej i rysunek 6.3). Pozostały jedynie jaskinie wewnątrz lądu i na wyspach, w których łatwo mogła znaleźć i znajdowała schronienie raczej tubylcza ludność niż najeźdźcy. Na tym etapie chciałbym przedstawić bardzo uproszczoną interpretację wschodnioazjatyckiej archeologii okresu lodowcowego. Będzie nam służyła za tło, na którym przyjrzymy się zmianom, poczynając od okresu szczytu zlodowacenia. Jak już wiemy (rozdział 3), w Europie neandertalska technologia środkowego paleolitu była zastępowana bardziej wyszukaną technologią górnego paleolitu pierwszych ludzi anatomicznie współczesnych. Widzieliśmy także, że neandertalska technologia środkowego paleolitu nie była w żadnej mierze prymitywna, lecz reprezentowała tradycję równoległą do stylu wytwarzania narzędzi w środkowej epoce kamienia przez anatomicznie współczesnych ludzi w Afryce przed 50 000 lat.

Zaskoczeniem jest zatem odkrycie niskiego poziomu technologii kamienia ludzi rozumnych w Azji Wschodniej i Południowo-Wschodniej z czasów ostatecznego współzawodnictwa neandertalczyków z kromaniończykami. Narzędzia kojarzone z ludźmi anatomicznie współczesnymi w Azji Południowo-Wschodniej i Australii zdają się mniej wymyślne od używanych przez neandertalczyków[302]. Różnica jest tak wielka, że w niektórych przypadkach archeolodzy zajmujący się tradycjami afrykańskiego i europejskiego paleolitu nie mogą uwierzyć, iż niektóre narzędzia przypisywane ludziom rozumnym przez ich kolegów zajmujących się kulturami Azji są w ogóle wytworami człowieka.

Na kontrast stylów i „jakości” po raz pierwszy zwrócił uwagę amerykański archeolog Hallam Movius w 1948 roku. Tak zwana linia Moviusa oddziela Daleki Wschód, łącznie z Azją Południowo-Wschodnią, od reszty świata, jako obszar „zacofania” i „narzędzi

nieodpowiadających standardom" mniej więcej do czasów ostatniego zlodowacenia. Aby rzecz jeszcze bardziej splątać, zauważmy, że wschodnioazjatycka tradycja wytwarzania jedno- i dwustronnych narzędzi otoczakowo-odłupkowych sięgała czasów od kolonizacji przez ludzi rozumnych wstecz do czasów środkowego paleolitu, przynajmniej milion lat wstecz. Były to czasy, gdy Azję Wschodnią zamieszkiwał *Homo erectus*, na długo przed pojawieniem się ludzi rozumnych. Trwa dyskusja na temat tego, kiedy narzędzia otoczakowo-odłupkowe jedno- i dwustronne były po raz pierwszy wykonywane na wyspach Azji Południowo-Wschodniej. Niektórzy archeolodzy nie bez powodu twierdzą, że zostały one wprowadzone przez ludzi rozumnych prawdopodobnie dawniej niż 70 000 lat temu (zob. rozdział 4)[303].

Kilku archeologów wskazało, że brak zaawansowanych narzędzi otoczakowo-odłupkowych jest efektem słabej łupliwości dostępnych typów kamieni, na przykład kwarcytu i bazaltu. Wywnioskowano z tego, że ludzie stosowali (i czynią to do dziś) bardziej wymyślne rozwiązania, wykorzystując materiały nietrwałe, takie jak twarde drewno, bambus i włókna roślinne[304]. Fakt, że mieszkańcy Oceanii 30 000 lat temu, przepływając łodziami, skolonizowali północne Wyspy Salomona, dziesiątki tysięcy lat wcześniej, nim wedle wszelkich dowodów żeglarstwo pojawiło się w Europie, jest doskonałym dowodem – jeżeli jakiegokolwiek trzeba – wczesnego zaawansowania technicznego Dalekiego Wschodu.

HISTORIA DWÓCH RZEK

Jakiekolwiek były przyczyny trwania wyróżniającej się wytwórczości narzędzi otoczakowo-odłupkowych, stanowi ona proste tło ukazujące napływy innych kultur do Chin i Azji Południowo-Wschodniej z Azji Środkowej w okresie ostatniego zlodowacenia. Na szczycie tego ogólnego tła mamy strukturę geograficzną i chronologiczną, którą możemy nazwać „historią dwóch rzek". Północne kultury chińskiego paleolitu, geograficznie skupione wokół Żółtej Rzeki, na długo przed

szczytem zlodowacenia pozostawały pod wzrastającym wpływem innowacji górnego paleolitu z Azji Środkowej. Pierwsze odłupki, potem ostrza i w końcu charakterystyczne groty dwupowierzchniowe (ostrza liściowate) przypominające kultury Diuktai ze wschodniej Syberii z okresu szczytu zlodowacenia mogły dotrzeć do miejsc położonych tak daleko na wschód jak Japonia, by tam zastąpić dotąd używane narzędzia. Z kolei południowe Chiny, zdominowane przez rzekę Jangcy i osłonięte geograficznie i środowiskowo od wpływów kulturalnych ze stepów Azji Środkowej, rozwijały raczej odizolowaną i wolniej postępującą kulturę[305].

Inne potencjalne wpływy zachodnie wywierane na Chiny i Azję Południowo-Wschodnią w okresie szczytu zlodowacenia, które mogły rozwijać się równolegle z syberyjskim górnym paleolitem, to wytwórstwo kamiennych odłupków w dorzeczu Tarym na południowych obrzeżach pustyni Taklamakam w prowincji Xinjiang oraz produkcja mikroostrzy na Wyżynie Tybetańskiej (mikroostrze to mały odłupek graniastosłupowy o równoległych ścianach odłupanych od przygotowanego rdzenia)[306].

Niektóre zachodnie wpływy techniczne z górnego paleolitu pojawiły się w północnych Chinach i południowej Mongolii Wewnętrznej nawet przed epoką lodowcową. Zapewne najwcześniejsze ich ślady z okresu między 35 000 a 50 000 lat temu zostały odkryte w pobliżu zakola Żółtej Rzeki znanego jako wyżyna Ordos. W słynnej Górnej Jaskini (Upper Cave) w pobliżu Pekinu znaleziono wyszukane artefakty, wykonane z kości, muszli i kamienia sprzed szczytu zlodowacenia, a wśród nich oczko igły i naszyjnik z kości, muszli i kamienia datowane na około 18 000 lat temu. Nawet bardziej zaawansowane kultury z górnego paleolitu, wytwarzające igły z trzema oczkami i narzędzia z kości i poroża, rozwijały się nadal po maksimum zlodowacenia wzdłuż dolnego biegu Żółtej Rzeki w stronę jej ujścia[307]. Jednakże większość wschodniego wybrzeża Chin, obszaru najgęściej zamieszkanego w tym okresie, leży teraz pod powierzchnią morza, niedostępna dla archeologów.

Dalej na północ i wschód na rosyjskim Dalekim Wschodzie, w Japonii i Korei nastąpiły wówczas radykalne zmiany technologii.

Na rosyjskim Dalekim Wschodzie najwcześniejsze, datowane węglem na okres górnego paleolitu mikroostrza odkryto nad Amurem w miejscu nazwanym teraz Jaskinią Towarzystwa Geograficznego (każde ostrze dłuższe niż 50 milimetrów jest klasyfikowane jako makroostrze). Mikroostrza po raz pierwszy pojawiły się w tym regionie w okolicy szczytu zlodowacenia (19 350 lat temu), lecz bliżej wybrzeża Morza Japońskiego w Primorie[308].

Japonia dysponuje najbardziej szczegółowym na świecie sekwencyjnym zapisem zdarzeń z tej epoki. Ponad 20 000 lat temu dzieliła z resztą Azji Wschodniej tradycję wytwarzania narzędzi otoczakowych i odłupkowych. Między 18 000 a 20 000 lat temu otworzyło to drogę nowej, bogatej technologii podobnej do zachodniej górnopaleolitycznej z odłupkami i ostrzami (z tymi drugimi coraz popularniejszymi z upływem czasu) wraz z mnogością innych produktów pochodnych. Ostatecznie od 12 000 do 14 000 lat temu mikroostrza i groty dwupowierzchniowe stały się powszechne. Korea była raczej mniej intensywnie badana, lecz odkryto to samo następstwo narzędzi otoczakowo-odłupkowych, otwierających drogę produkcji odłupków i ostrzy mniej więcej w okresie szczytu zlodowacenia. W obu tych ciągach następstw zdarzeń okres ten był czasem ekspansji i zmian technologicznych, zmiatających starą tradycję wschodnioazjatycką, prawdopodobnie przez napływ umiejętności i myśliwych nadchodzących ze zmrożonych azjatyckich stepów[309].

Tereny wokół rzeki Jangcy w południowych Chinach były do pewnego stopnia odizolowane od pełnego wpływu zachodniej technologii górnego paleolitu, ale przedlodowcowa, wykorzystująca kwarcyt produkcja odłupkowych otoczaków była modyfikowana (choć nie zastąpiona) w czasie szczytu zlodowacenia nowymi narzędziami i materiałami. Nowe narzędzia, takie jak odłupki, były mniejsze i bardziej zróżnicowane oraz wykonywane z innych materiałów, takich jak czert, kości i poroże. Tak jak na północy, przybrzeżne rejony południowych Chin z omawianej epoki leżą obecnie głęboko pod wodą, kryjąc pod falami dowody technicznych zmian w strefie nadmorskiej[310].

AZJA POŁUDNIOWO-WSCHODNIA: PRZERWA W ZASIEDLENIU CZY TYLKO EFEKTY ZMIANY POZIOMU MORZA?

W przeciwieństwie do wyraźnych zmian technologicznych, które nastąpiły w okresie maksimum zlodowacenia dalej na północy, Azja Południowo-Wschodnia ma bardzo niewiele do pokazania z tego okresu. Rzeczywiście niewiele pozostałości materialnej kultury zostało w jakikolwiek sposób opisanych. Niezależnie, czy ten niedostatek dowodów oznacza brak ludzi, czy tylko materialnych śladów we właściwych miejscach, nie ma dowodów na poparcie teorii imigracji z północy. Maskujący efekt niskiego poziomu mórz w czasie maksimum zlodowacenia nigdzie nie jest tak wielki jak w Azji Południowo-Wschodniej, gdzie ląd obecnie wystający ponad wodę jest skromną pozostałością dawnego kontynentu Sunda (rysunek 6.3). David Bulbeck wskazał, że brak dowodów zamieszkiwania na tych ziemiach w szczycie zlodowacenia wynika z faktu osiedlania się w tym czasie na terenach leżących o 100 metrów poniżej obecnego poziomu morza. Ludzie po prostu postępowali w dół za opadającym morzem i zasiedlali coraz niższe tereny, które teraz zostały zalane przez morze. Gdy po ustąpieniu lodowca poziom morza podniósł się ponownie, powrócili na główny ląd, rozpoczynając nowy zapis archeologiczny swych kultur[311].

Jakakolwiek była przyczyna, rezultatem jest oczywista przerwa osadnictwa na lądzie Indochin i Półwyspu Malajskiego od czasu szczytu zlodowacenia do około 14 400 lat temu, gdy jaskinie na lądzie głównym zostały ponownie zamieszkane przez ludzi wytwarzających narzędzia otoczakowo-odłupkowe. W kilku przypadkach stare tradycje epoki kamiennej były kontynuowane w okresie neolitu aż do 2000 czy 3000 lat temu. Ponieważ te regiony były oczywiście zdatne do zamieszkania podczas zlodowacenia, jest bardziej prawdopodobne, że zamieszkujący je po prostu cofnęli się z niżej położonych terenów, gdy poziom morza się podniósł[312].

Interesującym pytaniem jest, kim byli ci zamieszkujący jaskinie, używający narzędzi otoczakowych ludzie. Ogólnie uważa się ich za przodków negryckich koczowników, leśnych łowców-zbieraczy,

którzy po dziś dzień zajmują te same regiony. Archeolożka Zuraina Majid twierdzi dalej, że polodowcowa technologia doliny Lenggong w Malezji była rzeczywistą kontynuacją tradycji lokalnych sięgających wstecz do wykopalisk w Kota Tampan, teraz ostrożnie datowanych na 74 000 lat temu (zob. rozdział 4). Istnieje kilka dowodów genetycznych, że przodkowie Aborygenów malajskich mogli żyć na indochińskim wybrzeżu w tym samym okresie. I w tym przypadku morze mogło zatrzeć ich ślady[313].Obraz zmian po zlodowaceniu odkrywa nieco więcej informacji jedynie na wyspach Azji Południowo-Wschodniej, gdzie technologia odłupków i odłupkowych ostrzy trwała aż do ostatnich 2000 lat. Pewne informacje wskazują na ekspansję na wyspy Azji Południowo-Wschodniej w okresie epoki lodowcowej, o czym świadczą dowody pierwszej kolonizacji Filipin przed 17 000 lat. Amerykański archeolog Wilhelm Solheim, senior badań prehistorii Azji Południowo-Wschodniej, uważa tradycję odłupków i ostrzy raczej za późnoplejstoceńską intruzję na wyspy Azji Południowo-Wschodniej z południowych Chin niż za oryginalną miejscową technologię [314].

Prawdopodobnie jedyną niezwykle ważną informacją oznajmiającą nadejście rzeczywiście zmyślnej nowej technologii, jakby przybyłej z innej planety, jest znalezisko we wschodnim Sabahu na wybrzeżu dawnego jeziora Tingkayu. Odkryto piękne, dwustronnie obrobione na kształt liścia lub grotu lancy, czertowe noże, liczące prawdopodobnie od 18 000 do 28 000 lat. Ta ostatnia data może sugerować przybycie raczej przed szczytem zlodowacenia niż później. Wedle słów Petera Bellwooda, „są to noże jedyne w całej Azji Południowo-Wschodniej, z wyjątkiem jeszcze innego znaleziska (…) w kopalni cyny w Kedah na Półwyspie Malajskim”. Jeżeli noże Tingkayu z Borneo naprawdę symbolizują pionierską technologię, komentarz Bellwooda może być kluczem do trasy, jaką przebyła ona z Chin, gdyż wspomniał również o dwóch innych przedlodowcowych wykopaliskach na tym samym półwyspie, lecz po tajskiej stronie: Moh Khiew i Lang Rongrien. Na każdym stanowisku natrafiono na okaz podobnej dwupłaszczyznowej technologii, lecz przytłoczony „bardziej topornymi” narzędziami kultury Hoà Bình[315].

Techniczne echa liściastych grotów znad Tingkayu Bellwood znajduje również w Azji Północnej – zwłaszcza w Diuktai na północnej Syberii (mające od 18 000 lat) i w kilku regionach Japonii z tego samego okresu[316]. Choć wyczuwa, że kultura Tingkayu jest niezależnym lokalnym wydarzeniem, jej echa kulturalne, jakie opisuje, byłyby takie same jak sugerowane przez model genetyczny, który przedstawiam. Innymi słowy, rozproszenie łowców-zbieraczy ze stepów Azji Środkowej w okolicach szczytu zlodowacenia przyniosło zaawansowaną technologię polowań z trawiastych terenów wschodu i południowego wschodu do regionów Chin i prehistorycznego lądu Sunda, w których obszar traw umiarkowanie się rozszerzał. Ciekawe jest istnienie związku technologii Diuktai z Nowym Światem – to temat następnego rozdziału i ostatni szlak naszej podróży, prowadzący do pierwszych ludzi przybywających do najbardziej oddalonych zakątków naszego globu.

Dzięki utrzymującej się do dziś niezwykłej regionalnej specyfice męskiego i żeńskiego drzewa genetycznego możemy śledzić starożytne migracje. Pokazuje to, że podczas zasiedlania Starego Świata ludzie, raz przybywszy w miejsce, do którego zmierzali, starali się pozostać tam i przynajmniej aż do czasów odległych od nas pięćset lat zwykle udawało się im odpierać nowych przybyszów. Ten konserwatyzm został najsilniej zaburzony przez zlodowacenie. Na półkuli północnej rozległe obszary Starego i Nowego Świata stały się niezdatne do zamieszkania z powodu lodu, jezior lodowcowych i pustyń. Poprzednio niezwykle skuteczni łowcy-zbieracze ze stepów Eurazji Północnej teraz niewiele mieli do wyboru, zwykle uzależnionego od geografii i klimatu. Na półwyspie Europy, zamkniętym przez morze, góry i pustynię, jedyną szansą przetrwania było znalezienie miejsc ucieczki w południowych, cieplejszych strefach graniczących z Morzem Śródziemnym i Czarnym. Po maksimum zlodowacenia nastąpiła reekspansja i wiele terytoriów zostało ponownie zasiedlonych, w większości przez dawnych mieszkańców.

W Azji Środkowej i Północnej, poprzednio porosłej trawami i zamieszkanej przez liczne stada olbrzymich roślinożerców,

narastające zimno i posucha zmusiły łowców-zbieraczy z górnego paleolitu do opuszczenia wysoko położonych stepów i ruszenia w kilku kierunkach do cieplejszych regionów z bardziej umiarkowanym klimatem. Należały do nich Ukraina na zachodzie, Chiny na południu i wschodzie, a także Japonia, Korea i północno-wschodnia Syberia. Jak zwykle wielkie rzeki Azji odegrały rolę autostrad, na których tym razem ruch odbywał się jedynie w dół ich biegu. Znaleziska archeologiczne potwierdzające tę górnopaleolityczną migrację kultur stepowych łowców w stronę wybrzeża Pacyfiku w czasie maksimum zlodowacenia najlepiej widać w Japonii, ale na jej echa trafiamy także gdzie indziej. W Azji Południowej i Południowo-Wschodniej po opadnięciu mórz przed kolonizatorami otworzyły się olbrzymie obszary szelfu kontynentalnego. Nie jest jasne, jaki udział w zasiedlaniu lądu Sunda (powiększonej w okresie zlodowacenia Azji Południowo-Wschodniej) miały lokalne ludy, a jaki uciekinierzy z dalszej północy, ale ślady genetyczne i dowody związane z kształtem uzębienia przemawiają za większością tych pierwszych. Opadnięcie poziomu mórz otworzyło na północnym wschodzie nowy kontynent Beringię, stwarzając lądowy pomost do Ameryk, gdzie nasza historia sięgnie ostatniego rozdziału.

267 Klein R.G., *The Human Career: Human Biological and Cultural Origins*, Chicago University Press, Chicago 1999 – na s. 536 doskonała mapa wykopalisk z górnego paleolitu. Na temat stanowisk Ichine II, Ust' Mil' (wschodnia Syberia) i Małaja Syja (Ałtaj) zob. Velichko A.A., Kurenkova E.I., *Environmental conditions and human occupation of northern Eurasia during the Late Valdai*, w: C. Gamble, O. Soffer (red.), *The World at 18,000 bp*, t. 1, Unwin Hyman, London 1990, s. 254–265; Goebel T. et al., *Dating the Middle-to-Upper-Palaeolithic transition at Kara Bom*, „Current Anthropology" 1993, nr 34, s. 452–458. Na temat okolic Bajkału zob. Goebel T., Aksenov M., *Accelerator radiocarbon dating of the initial Upper Palaeolithic in southeast Siberia*, „Antiquity" 1995, nr 69, s. 349–357. O kole polarnym: Pavlov P. et al., *Human presence in the European Arctic nearly 40,000 years ago*„ Nature" 2001, nr 413, s. 64–67; zob. także Velichko A.A., Kurenkova E.I., op. cit.; Chen C., Olsen J.W., *China at the Last Glacial Maximum*, w: C. Gamble, O. Soffer (red.), *The World at 18,000 bp*, t. 1, Unwin Hyman, London 1990, s. 276–295.

268 Soffer O., *Upper Paleolithic adaptations in Central and Eastern Europe and man–mammoth interactions*, w: O. Soffer, N.D. Praslov (red.), *From Kostenki to Clovis: Upper Paleolithic Adaptations*, Plenum, New York 1993, s. 31–49. Na temat pierwszego możliwego dowodu cech mongoloidów zob. Alekseev V., *The physical specificities of Paleolithic hominids in Siberia*, w: A.P. Derevianko (red.), *The Paleolithic of Siberia: New Discoveries and Interpretations*, University of Illinois Press, Urbana 1998, s. 329–335.

269 Zob. np. opis w: Oppenheimer S.J., *Eden in the East: The Drowned Continent of Southeast Asia*, Weidenfeld & Nicolson, London 1998, s. 23–27.

270 Zhang D.D., Li S.H., *Optical dating of Tibetan human hand- and footprints: An implication for the palaeoenvironment of the last glaciation of the Tibetan Plateau*, „Geophysical Research Letters" 2002, nr 29 (opublikowane online w DOI, s. 10.1029/2001GL013749).

271 Otte M., *The northwestern European Plain around 18,000 bp*, w: Gamble C., Soffer O., (red.), *The World at 18,000 bp*, t. 1, Unwin Hyman, London 1990, s. 61–65; więcej szczegółów o kulturze solutrejskiej w południowo-zachodniej Europie zob. ibid., rozdział 2, 4–6, s. 40–169. Na temat schronienia na terenie Włoch zob. ibid.; Mussi M., *Continuity and change in Italy at the Last Glacial Maximum*, w: Gamble C., Soffer O., op. cit., s. 126–143; Ukrainy – ibid., rozdziały 3, 7–10 i 12. O Europie Środkowej: Kozlowski J.K., *Northern Central Europe c. 18,000 bp*, w: ibid., s. 204–227.

272 Soffer O., op. cit.

273 Torroni A. et al., *mtDNA analysis reveals a major late Paleolithic population expansion from Southwestern to Northeastern Europe*, „American Journal of Human Genetics" 1998, nr 62, s. 1137–1152; Torroni A. et al., *A signal, from human mtDNA, of postglacial recolonization in Europe*, „American Journal of Human Genetics" 2001, nr 69, s. 844–852.

274 Torroni A. et al., *mtDNA analysis...*, op. cit. Wysoką częstotliwość V wśród Saamów uważa się za efekt założycielski. Zob. także Richards M. et al., *Tracing European founder lineages in the Near Eastern mtDNA pool*, „American Journal of Human Genetics" 2000, nr 67, s. 1251–1276; Torroni A. et al., *A signal*..., op. cit.; Semino O. et al., *The genetic legacy of Paleolithic Homo sapiens sapiens in extant Europeans: A Y-chromosome perspective*, „Science" 2000, nr 290, s. 1155–1159. W tym kontekście Rusłan wg Semino należy do grupy „Eu 18" – tzn. M45/M173 bez dalszej M17 (lub inaczej R bez R1al).

275 Tabela 5 w: Richards M. et al., op. cit. Warto zauważyć, że linia maksimum zlodowacenia przypada między wierszem 4 (środkowy górny paleolit) i 3 (późny górny paleolit) tabeli.

276 Tabela 4 w: Richards M. et al., op. cit.

277 Stefan M. et al., *Y-chromosome analysis reveals a sharp genetic boundary in the Carpathian region*, „European Journal of Human Genetics" 2001, nr 9, s. 27–33. Późniejsza polodowcowa ekspansja w tym regionie mogła mieć ten sam efekt – Semino O. et al., op. cit. (M17 to Eu 19 wg tej publikacji). W nowej nomenklaturze M17 należy teraz nazywać R1a1 – zob. TheY Chromosome Consortium, *A nomenclature system for the tree of human Y-chromosomal binary haplogroups*, „Genome Research" 20002, nr 12, s. 339–348.

278 Davis R.S., *Central Asian hunter-gatherers at the Last Glacial Maximum* w: Gamble C., Soffer O., op. cit., s. 267–75; zob. także Velichko A.A., Kurenkova E.I., op. cit.

279 Tabela 2 w: Forster P. et al., *Asian and Papuan mtDNA evolution*, w: P. Bellwood, C. Renfrew (red.), *Examining the Farming/Language Dispersal Hypothesis*, McDonald Institute for Archaeological Research, Cambridge 2003, s. 89–98.

280 Brown P., *The first modern East Asians? Another look at Upper Cave 101, Liujiang and Minatogawa 1*, w: K. Omoto (red.), *Interdisciplinary Perspectives on the Origins of the Japanese*, International Research Center for Japanese Studies, Kyoto 1999, s. 105–130; Bellwood P., *Prehistory of the Indo-Malaysian Archipelago*, wyd. poprawione, University of Hawaii Press, Honolulu 1997, s. 70–95.

281 Zob. rozdział 5. Na temat grupy B wśród mongoloidów w okresie przedlodowcowym zob. tabela 1 w: Richards M. et al., *MtDNA suggests Polynesian origins in Eastern Indonesia*, „American Journal of Human Genetics" 1998, nr 63, s. 1234–1236. Zob. także dyskusję i podsumowanie dotyczące południowego pochodzenia B i R9 oraz oszacowanie wieku B (i podgrup) oraz R9 (F4) w tabeli 3 w: Yong-GangYao et al., *Phylogeographic differentiation of mitochondrial DNA in Han Chinese*, „American Journal of Human Genetics" 2002, nr 70, s. 635–651.

282 Oppenheimer S.J., op. cit

283 Ibid.; zob. także przypis 22 poniżej oraz Bellwood P., op. cit.

284 Zob. Higham C., *The Bronze Age of Southeast Asia*, Cambridge University Press 1996, s. 301–304; Paz V., *Island Southeast Asia: Spread or friction zone?*, w: P. Bellwood, C. Renfrew (red.), *Examining the Farming/Language Dispersal Hypothesis*, McDonald Institute for Archaeological Research, Cambridge 2003, s. 275–286 oraz Bulbeck F.D., *Recent Insights on the Chronology and Ceramics of*

the Kalumpang Site Complex, South Sulawesi, Indonesia, „Indo-Pacific Prehistory Association Bulletin" 2002, nr 22, t.6, s. 83–99.

285 Typy Nasreen pochodzące z południa, B i F (B* znaleziony wśród Aborygenów malajskich), R9 (znaleziony w Yunnanie (południowe Chiny) i Xinjiang z gałęzi przodka F), pre-F (powszechny wśród Aborygenów malajskich i przodek R9 i F), pre-N, N* i N9, wszystkie znalezione u Aborygenów malajskich (N9, znaleziony w całej Azji Południowo-Wschodniej i w południowych Chinach, jest przodkiem Y) – zob. rozdział 5; R21 (znaleziony tylko wśród Semangów i Senoi z gałęzi Rohani, ale może być przodkiem pre-F, F4 i F – bo tak jak i one, ma mutację 16 304 w HVS1, chociaż nie dzieli z nimi pewnych kluczowych niekodujących pozycji – w ten sposób być może stanowi głębokie powiązanie Aborygenów malajskich z innymi grupami aborygeńskimi z Półwyspu Malajskiego) – zob. rozdział 4. Typy Manju pochodzące z południa: M7 – zob. rozdział 5. Typy chromosomu Y pochodzące z południa: Ho (lub wg innej nomenklatury typ „O") – zob. rozdział 5.

286 Rayner D., Bulbeck D., *Dental morphology of the 'Orang Asli' aborigines of the Malay Peninsula*, w: M. Henneberg (red.), *Causes and Effects of Human Variation*, Australasian Society for Human Biology, University of Adelaide 2001, s. 19–41.

287 Oppenheimer S.J., op. cit.

288 Richards M. et al., *MtDNA suggests Polynesian origins in Eastern Indonesia*, „American Journal of Human Genetics" 1998, nr 63, s. 1234–1236; Oppenheimer S.J., Richards M., *Polynesian origins: Slow boat to Melanesia?*, „Nature" 2001, nr 410, s. 166–167; Oppenheimer S.J., Richards M., *Fast trains, slow boats, and the ancestry of the Polynesian islanders*, „Science Progress" 2001, nr 84(3), s. 157–181.

289 Tabela 2 w: Forster P. et al., op. cit. Na temat grupy M119 zob. tabela 5 w: Kayser M. et al., *Independent histories of human Y chromosomes from Melanesia and Australia*, „American Journal of Human Genetics" 2001, nr 68, s. 173–190; M122 – tabela 2 w: Kayser M. et al., *Melanesian origin of Polynesian Y chromosomes*, „Current Biology" 2000, nr 10, s. 1237–1246.

290 Dane z: Torroni A. et al., *Mitochondrial DNA analysis in Tibet: Implications for the origins of the Tibetan population and its adaptation to high altitude*, „American Journal of Physical Anthropology" 1994, nr 93, s. 189–199 (warto zauważyć, że nowy klad M7 jest zidentyfikowany w tym starszym zestawie danych przez RFLP pozycja 9820g). Obecność południowej linii ojcowskiej (M95) i dwóch dominujących południowych klanów matczynych B i F w Indochinach i wyspiarskiej Azji Południowo-Wschodniej może po prostu wskazywać na ich stałą obecność tam wśród populacji typu Sundadont (zob. rozdział 5), ale ich obecność w Melanezji jasno wskazuje na migrację. Jednakże znalezienie

matczynej grupy C na południu (np. w: Yong-GangYao et al., op. cit.) oznacza migrację z północy.

291 Hill C. et al., *Mitochondrial DNA variation in the Orang Asli of the Malay Peninsula* op. cit..

292 Rozprzestrzenienie tej linii genetycznej w Azji Południowo-Wschodniej i przekroczenie przez nią linii Wallace'a jest przeanalizowane w: Oppenheimer S.J., Richards M., *Fast trains*..., op. cit.; dane z: Kayser M. et al., op. cit.; Capelli C. et al., *A predominantly indigenous paternal heritage for the Austronesian-speaking peoples of insular Southeast Asia and Oceania*, „American Journal of Human Genetics" 2001, nr 68, s. 432–443; Bing Su et al., *Y-chromosome evidence for a northward migration of modern humans into Eastern Asia during the last Ice Age*, „American Journal of Human Genetic" 1999, nr 65, s. 1718–1724. Zob. też The Y Chromosome Consortium, op. cit.

293 Widianto H., Detroit F., *The prehistoric burial customs in Indonesia during early Holocene: Nature and age*, materiały Symposium 16.1, 16th Congress of the Union Internationale des Sciences Préhistoriques et Protohistoriques, 2–8 September 2001, Liège; Oppenheimer S.J., op. cit., s. 78–83; Bulbeck D.,*Current biological research on Southeast Asia's Negritos*, „SPAFA Journal" 1999, nr 9(2), s. 14–22; Rayner D., Bulbeck D., *Dental morphology of the 'Orang Asli' aborigines of the Malay Peninsula*, w: M. Henneberg (red.), *Causes and Effects of Human Variation*, Australasian Society for Human Biology, University of Adelaide 2001, s. 19–41; zob. także rozdział 5.

294 Barker G. et al., *The Niah Cave Project: The second (2001) season of fieldwork*, „Sarawak Museum Journal" 2001, nr 56, s. 37–119, tutaj s. 56–58. O wymarciu Tasmańczyków zob. przypis 15 w rozdziale 5. Fragment czaszki z jaskini Tabon omawia: Bulbeck F.D., *Continuities in Southeast Asian evolution since the Late Pleistocene*, praca doktorska, Department of Prehistory and Anthropology, Australian National University, Canberra 1981.

295 Dubois E., *The proto-Australian fossil man of Wadjak, Java*, Koninklijke Akademie van Wetenschappen te Amsterdam 1922, nr B 23, s. 1013–1051; Weidenreich F., *The Keilor skull: A Wadjak type from south-east Australia*, „American Journal of Physical Anthropology" 1945, nr 3, s. 225–236; Wolpoff M.H. et al., *Modern Homo sapiens origins: A general theory of hominid evolution involving the fossil evidence from east Asia*, w: F.H. Smith, F. Spencer (red.), *The Origins of Modern Humans*, Alap R. Liss, New York 1984, s. 411–484; Coon C.S., *The Origin of Races*, Alfred A. Knopf, New York 1962; Jacob J.T., *Some Problems Pertaining to the Racial History of the Indonesian Region*, Drukkerij Neerlandia, Utrecht 1967, s. i–xiv, 1–162; Bulbeck D., op. cit.; Storm P., *The evolutionary significance of the Wajak skulls*, „Scripta Geologica" 1995, nr 110, s. 1–247.

Na temat Ajnów: Bulbeck D., *South Sulawesi in the corridor of island populations along East Asia's Pacific Rim*, w: S. Keates, J. Pasveer (red.), *Quaternary Research in Indonesia, Modern Quaternary Research in Southeast Asia*, t. 17, Balkema, Rotterdam 2002; Shutler R. et al., *AMS bone apatite C14 dates from Wajak, Indonesia*, w: S. Keates, J. Pasveer, op. cit. Bulbeck podobnie powiązał ludy kultury Jōmon przez morfologię czaszkową i zębową z Toaleanami z okresu preceramicznego na Sulawesi.

296 Storm P., op. cit.; Glinka J., *Racial history of Indonesia*, w: I. Schwidetsky (red.), *Rassengeschichte der Menschheit*, t. 8: *Asien I: Japan, Indonesien, Ozeanien*, Oldenbourg, Munich 1981, s. 79–113.

297 Forster P. et al., op. cit.

298 Brown P., op. cit.; Hanihara T. et al., *Place of the Hokkaido Ainu (Northern Japan) among peoples of the world*, „International Journal of Circumpolar Health" 1998, nr 57, s. 257–275.

299 Hammer M.F., Horai S., *Y chromosomal DNA variation and the peopling of Japan*, „American Journal of Human Genetics" 1995, nr 56, s. 951–962. Grupa K/Kain = RPS4Y wg: Karafet T.M. et al., *Ancestral Asian source(s) of New World Y-chromosome founder haplotypes*, „American Journal of Human Genetics" 1999, nr 64, s. 817–831; Bing Su et al., op. cit. K odpowiada nomenklaturze dla tej haplogrupy wg The Y Chromosome Consortium, op. cit.

300 Brown P., op. cit. Zob. także Cunningham D.L., Wescott D.J., *Within-group human variation in the Asian Pleistocene: The three Upper Cave crania*, „Journal of Human Evolution" 2002, nr 42, s. 627–638; Wu X., Poirier R.E., *Human Evolution in China*, Oxford University Press, New York 1995, s. 158–170.

301 Karafet T.M. et al., op. cit.; Ke Y. et al., *African origin of modern humans in East Asia: A tale of 12,000 Y chromosomes*, „Science" 2001, nr 292, s. 1151–1152.

302 Epitet „zacofanie" to prawdopodobnie eurocentryczne oszczerstwo, dostępny kamień był bowiem niskiej jakości, a najbardziej przydatne materiały używane przez południowo-wschodnich Azjatów do wytwarzania narzędzi, takie jak drewno, włókna i bambus, były nietrwałe, Zob. rozdział 4 oraz w: Shutler R. Jr, *Hominid cultural evolution as seen from the archaeological evidence in Southeast Asia*, materiały Conference on Archaeology in Southeast Asia, Publ. Hong Kong University Museum, Hong Kong 1995; Pope G.G., *Bamboo and human evolution*, „Natural History" 1989 (październik), s. 49–56.

303 Movius H.L., *The Lower Palaeolithic cultures of southern and eastern Asia*, „Transactions of the American Philosophical Society" (nowa seria) 1948, nr 38, s.

329–420. Na temat daty milion lat temu zob. Pope G.G., Keates S.G., *The evolution of human cognition and cultural capacity: A view from the Far East*, w: R. Corrucin, R.L. Ciochon (red.), *Integrative Paths to the Past: Paleoanthropological Advances*, Prentice Hall, Englewood Cliffs, NJ 1994, s. 531–567. Inne daty: Shutler R., op. cit.; zob. także Bowdler S., *The earliest Australian stone tools and implications for Southeast Asia*, „Indo-Pacific Prehistory Association Bulletin" 1992, nr 12, s. 10–22; Keates S.G., Bartstra G.-J., *Observations on Cabengian and Pacitanian artefacts from Island Southeast Asia*, „Quärtar" 2001, t. 51/52, s. 9–32; Pope G.G., Keates S.G., op. cit.

304 Shutler R., op. cit.; Pope G.G., op. cit.

305 Chen C., Olsen J.W., op. cit.

306 Ibid.

307 Ibid.

308 Kuzmin Y.V. et al., *14C chronology of Stone Age cultures in the Russian Far East*, „Radiocarbon" 1998, nr 40(1/2), s. 675–686.

309 Ten akapit opiera się na publikacji: Reynolds T.E.G., Kaner S.C., *Japan and Korea at 18,000 bp*, w: C. Gamble, O. Soffer (red.), *The World at 18,000 bp*, t. 1, Unwin Hyman, London 1990, s. 276–295.

310 Chen C., Olsen J.W., op. cit. Jednakże w wykopaliskach przedlodowcowych na południu Tajlandii, w Moh Khiew i Lang Rongrien, znaczny procent stanowiły obrobione narzędzia odłupkowe – F.D. Bulbeck, *Hunter-gatherer occupation of the Malay Peninsula from the Ice Age to the Iron Age*, w: J. Mercader (red.), *The Archaeology of Tropical Rain Forest*, Rutgers University Press, New Brunswick 2003, s. 119–160, tutaj s. 129.

311 Ibid.; Oppenheimer S.J., op. cit.; Bulbeck F.D. op. cit., zob. też Bellwood P., op. cit., s. 159–161.

312 Ponowne zasiedlenie w Malezji – na nizinie Gua Sagu dawniej niż 14 400 lat temu; w dolinie Lenggong dawniej niż 13 600 lat temu (Gua Runtuh) – rys. 1 w: Majid Z., *Radiocarbon dates and culture sequence in the Lenggong Valley and beyond*, „Malaysia Museums Journal" 1998, nr 34, s. 241–249. W Indochinach osadnictwo w: Son Vi (od 9000 do 12 000 lat temu), Hoabinhian (od 7000 do 11 000 lat temu), Bacsonian (od 7000 do 10 000 lat temu) – rys. 2.3 w: Higham C., *The Archaeology of Mainland Southeast Asia*, Cambridge University Press 1991; Bulbeck F.D., op. cit.

313 Np. P. Bellwood (op. cit., s. 85) twierdzi, że Semangowie są potomkami najstarszych mieszkańców jaskini Gua Cha, w centrum Półwyspu Malajskiego.

Jednakże uzębienie mieszkańców Gua Cha w epoce przed- i poneolitycznej bardziej przypomina uzębienie ludów pobrzeża Pacyfiku lub Aborygenów malajskich niż Semangów, zob. tabela 5 w: Bulbeck D., *Dental Morphology at Gua Cha, West Malaysia, and the Implications for Sundadonty*, „Indo-Pacific Prehistory Association Bulletin" 2000, nr 19 (t. 3), s. 17–41; Majid Z., op. cit.

314 Kolonizacja Filipin z wyłączeniem wyspy Palawan, która miała połączenie z lądem Sunda i została skolonizowana znacznie wcześniej – Thiel B., *Early settlement of the Philippines, Eastern Indonesia and Australia-New Guinea: A new hypothesis*, „Current Anthropology" 1987, nr 28, s. 236–241. Późnoplejstoceńską ekspansję omawia: Solheim W.G. II, *Southeast Asia and Korea from the beginnings of food production to the first states*, w: S.J. De Laet (red.), *The History of Humanity*, Routledge, London 1994, s. 468–481, tutaj s. 476.

315 Bellwood P., op. cit., s. 175–179, 160. W obu przypadkach mamy niejasność datowania, lecz na pewno znaleziska pochodzą z późnego górnego paleolitu.

316 Ibid., s. 179.

Rozdział 7

Zaludnienie Ameryk

Fakt, że Indianie amerykańscy przeszli z Azji przez Cieśninę Beringa, był oczywisty dla naszych przodków. Thomas Jefferson napisał w 1784 roku, że „podobieństwo Indian amerykańskich do mieszkańców Azji Wschodniej skłania nas do przypuszczenia, że ci pierwsi są potomkami drugich lub ci drudzy pierwszych…". Ta wyważona, choć dwuznaczna opinia została ukierunkowana dwieście lat wcześniej przez jezuickiego badacza i podróżnika José de Acostę, który sugerował, że Azjaci dotarli do Ameryki 2000 lat przed Hiszpanami. Aż do ostatnich czasów nikt poważnie nie podważał tego poglądu[317].

Jest prawdopodobne, że z wyjątkiem kolonizacji Polinezji zajęcie Ameryk było ostatnią wielką ekspansją ludzkości na dziewicze terytoria. Możemy z nadzieją oczekiwać, że dzięki najnowszym postępom techniki w dziedzinie badań prehistorycznych, wielkiemu zainteresowaniu lokalnemu i olbrzymim zasobom najbogatszego państwa na świecie historia zaludnienia Ameryk zostanie wyjaśniona. Możemy oczekiwać, że dowiemy się, kiedy w przybliżeniu nastąpiło pierwsze wkroczenie na te tereny, ile było kolejnych migracji, kim byli migrujący, skąd nadeszli, jak i kiedy. Możemy nawet oczekiwać znalezienia klucza do tajemnicy języka, jakim mówili.

NIEZGODA W AKADEMII

Nic bardziej odległego od rzeczywistości. Naukowcy nie umieją uzgodnić dat pierwszego dotarcia na te ziemie i proponują okresy od 11 500 do 50 000 lat temu. Nie potrafią ustalić, jak wiele było migracji, sugerując od jednej do wielu. Nie mogą nawet wyjaśnić, iloma rodzinami języków posługiwali się rdzenni Amerykanie w czasach historycznych, nie mówiąc już o tym z iloma przybyli do Ameryki. Znaczna część problemu leży w naturze procesu przeprowadzania dowodu i w zakorzenionych, spolaryzowanych poglądach akademickich, które uniemożliwiają racjonalne dojście do porozumienia. Jak się jednak przekonamy, amerykańscy obserwatorzy tamtejszej prehistorii stopniowo zaczynają akceptować coraz silniejszy wpływ wolnej inicjatywy na podejmowanie decyzji badawczych[318].

Tradycyjna metoda badawcza zezwala na niepewność teorii, a nawet kładzie na to nacisk. Mówiąc z grubsza, teoria (lub model) daje logiczne wyjaśnienie czegoś dotychczas niezrozumiałego w najlepszy sposób zgodny z wynikami obserwacji. Musimy zaakceptować fakt, że niektóre obserwacje mogą być niedokładne lub nawet mylne i kolejne, lepsze być może pozwolą na skonstruowanie lepszej teorii. Potem mogą pojawić się obserwacje wywołujące pytania, które podważą nową teorię i w każdym przypadku otworzą drogę do kolejnej nowej teorii. Jest nadzieja, że wcześniej czy później zbliżymy się do rzeczywistości idealnej i prawdy. Mylące jest założenie, że kiedykolwiek dotrzemy do prawdy absolutnej. Powinniśmy być zawsze otwarci i gotowi do pogodzenia się z możliwością popełnienia błędu.

W rzeczywistości akademickiej jest to bardzo rzadkie. Wybitni młodzi akademicy stają się sławni dzięki stworzeniu nowych teorii lub wykonaniu prac, które łamią szablony, a potem spędzają resztę życia zawodowego, umacniając swoją pozycję i broniąc jej przed atakami. Studenci, ich sponsorzy i oczywiście społeczeństwo oczekują o wiele większego stopnia pewności tych teorii, niż da się obiektywnie uzyskać. Zachęca to do usztywniania opinii i braku

elastyczności. Rozziew między rzeczywistością i wiarygodnością zawsze był i jest wypełniany grubą warstwą wszystko klejącego społecznego lepiszcza zwanego autorytetem. Starsi akademicy w każdej dziedzinie inwestują autorytet w zdobywanie pozycji, a potem bronią obu jak kapłani. Gdy ktoś z zewnątrz podważa ich autorytet, uznają, że ich pozycja również jest zagrożona, zwierają szeregi, formują alianse i przepędzają pretendentów. Dzieje się tak niezależnie od tego, czy groźba – nowa interpretacja podważająca hołubioną, ustaloną opinię – jest w rzeczy samej bliższa prawdy Świętego Graala, czy tylko niesie spojrzenia pod nowym kątem na niejasną kwestię; wielkie działa i tak są wytaczane.

Gdy dwa „autorytety" stają przeciw sobie, mamy wojnę domową. Akademicki grunt trzęsie się jak przy grzmocie podczas szarży stada słoni. Neutralni i obiektywni koledzy są przymuszani do przechodzenia na jedną ze stron, a młodzieży radzi się trzymać się z daleka. Oczywiście istnieje również druga strona tego antyestablishmentowego spojrzenia na środowisko akademickie. W społeczeństwie mnożą się awanturnicy pragnący zbić kapitał na nieświadomości mas przez podsycanie ich fascynacji tajemnicą. Niektórzy pisarze zbijają fortuny, ku oburzeniu archeologicznego establishmentu, kwestionując to, co zwykli nazywać „dogmatem", na przykład stawiając pytanie, czy ludzkość sama stworzyła swą starożytną kulturę, czy może – co bardziej ekscytujące – wpłynęli na nią Marsjanie. Czy ktoś uzna, że uznani eksperci nie powinni bronić naszych słabych i nieświadomych głów przed takimi szarlatanami? Oczywiście dla każdego obserwatora w każdej sytuacji pozostaje problem rozpoznania, kto czego broni.

ORTODOKSJA PIERWSZEŃSTWA CLOVIS

A co to wszystko ma wspólnego z kwestią zaludnienia Ameryk? Otóż bardzo wiele. Najbardziej sporną kwestią amerykańskiej archeologii jest tak zwana ortodoksja Clovis lub teoria pierwszeństwa Clovis. Historia tej tezy sięga prawdopodobnie końca XIX wieku, gdyż

wcześniej była uznawana za herezję. W latach dziewięćdziesiątych XIX wieku William Henry Holmes z Wydziału Etnologii Amerykańskiej Instytutu Smithsona (Smithsonian Institution's Bureau of American Ethnology) i Thomas Chamberlin ze Służby Geologicznej Stanów Zjednoczonych (United States Geological Survey) odrzucili wiele wątpliwych teorii o plejstoceńskim (z epoki lodowcowej) zasiedleniu Nowego Świata. Rolę autorytetu ochronnego przejął w latach dwudziestych ubiegłego wieku lekarz antropolog Ales Hrdlicka, również z Instytutu Smithsona. Po długim czasie, w 1995 roku, Vine Deloria wspominał Hrdlickę w swojej książce *Red Earth, White Lies* (*Czerwona ziemia, białe kłamstwa*) jako gorliwego obrońcę akademickiego *status quo* o ciężkiej ręce, który dławił w zarodku wszelkie propozycje badawcze mające na celu sprawdzenie alternatywnych teorii[319].

W 1926 roku Jesse Higgins z Muzeum Historii Naturalnej Kolorado (Colorado Museum of Natural History) znalazła zaostrzony kamienny artefakt na stanowisku archeologicznym w pobliżu Folsom w Nowym Meksyku, gdzie odkryto również szkielet wymarłego bizona. Hrdlicka odmówił uznania tego za dowód ludzkiego osadnictwa w plejstocenie, ponieważ żaden archeolog nie sprawdził powiązania z kośćmi, nim grot został usunięty. Inne kamienne ostrze znaleziono w 1927 roku. Pozostawiono je na stanowisku, sfotografowano i poddano ocenie zewnętrznych ekspertów. Higgins odkopała więcej większych ostrzy z takim samym kanelowaniem (żłobkowaniem przez odbijanie łupków od bazy, prawdopodobnie w celu łatwiejszego przymocowania do drzewca) po raz pierwszy w Kolorado w 1932 roku, obok szkieletu mamuta i pięć lat później także z kośćmi mamuta w Clovis w Nowym Meksyku. Te większe ostrza, znane obecnie jako ostrza z Clovis, leżały poniżej tak zwanych ostrzy z Folsom, reprezentujących inną kulturę wiązaną obecnie ze szkieletami bizonów[320].

Zostało więc „udowodnione" zgodnie z kryteriami z tamtych lat, że istoty ludzkie wkroczyły do Nowego Świata dawniej niż 10 000 lat temu. Stara teoria późniejszej kolonizacji została wywrócona do góry nogami i czytelnicy mogą się domyślać, jak wielu amerykańskich

archeologów to dotyczyło. Jednakże nie wszystko było tak, jak być powinno w mile nakreślonej sztuce. W cyklu teorii nastąpiła faza „pozytywnego bohatera”: po okresie frustracji i oczerniania autorytatywny dogmat został obalony dzięki starannej obserwacji i uporowi. We właściwym czasie koło mogło się obrócić.

Następnie ostrza Clovis znajdowano wszędzie w Stanach Zjednoczonych. Wśród amerykańskich archeologów narastało przekonanie, że te kamienne narzędzia są znakami rozpoznawczymi pierwszej ludzkiej kolonizacji w Amerykach. Tak czy inaczej, ci pierwsi eksploratorzy byli na pewno wielkimi ekspertami myślistwa z okresu górnego paleolitu, którzy mamucim szlakiem przez Beringię dotarli z Azji w latach zanikania ostatniego zlodowacenia.

W 1964 roku amerykański geochronolog C. Vance Haynes, dzięki metodzie datowania węglem, zebrał i połączył w całość różne informacje o ostrzach Clovis. Najstarsze pochodziły z okresu 11 000–11 500 lat temu i wiek żadnego nie przekraczał 12 000 lat. To ostatnie było dla geologów bardzo znaczące, gdyż wierzyli, że wcześniej otworzył się korytarz między dwoma topniejącymi wielkimi polami lodowymi w Ameryce Północnej umożliwiający przejście przez Alaskę i Kanadę do pozostałej części Ameryk (około 12 000–13 000 lat temu). Te dwie wielkie płyty lodowe to masyw laurentyński pokrywający Zatokę Hudsona na wschód i kordylierski kryjący Góry Skaliste i ziemie na zachód; obie były tak wielkie, że według dowodów dostępnych w latach sześćdziesiątych ubiegłego wieku mogły obejmować kontynent (rysunek 7.1)[321].

Teoria pierwszeństwa Clovis dojrzała do postaci kompletnej i utwierdzonej ortodoksji. Argumentowano, że ludzie nie mogli dotrzeć do Ameryki przed okresem ostrzy Clovis, ponieważ drogę blokował lód. Wszystkie datowania Clovis wskazywały na początek okresu otwarcia rozległego korytarza wśród lodów, biegnącego z północnego zachodu na południowy wschód od 13 000 lat temu. Zgodnie z tą argumentacją przed otwarciem korytarza nikt nie mógł przebyć pól lodowych. Nie miało znaczenia, że nawet po otwarciu lodowy korytarz stanowiło kilka tysięcy kilometrów gołej arktycznej pustyni i jezioro, których przebycie wymagało sporych zapasów

żywności – była to wielka teoria, do której można dopasowywać wszystkie elementy. Architekci tej teorii stali się jej najwyższymi kapłanami, a teoria dojrzała do następnej fazy cyklu ataków i obrony nowego *status quo*. Atak i wściekła obrona trwały ponad trzydzieści lat.

Siłą i jednocześnie najsłabszym punktem teorii pierwszeństwa Clovis był fakt, że wiek najstarszego z jej ostrzy musiał odpowiadać czasowi tuż po otwarciu lodowego korytarza, a otwarcie korytarza musiało odrobinę poprzedzać czas wytworzenia ostrza. Jak w domku z kart, pchnięcie kluczowego elementu struktury powoduje załamanie się całej konstrukcji. Tym kluczowym elementem było upieranie się przy datach ograniczających najwcześniejsze wkroczenie Amerykanów po otwarciu lodowego korytarza. Gdyby zajęcie Ameryki Północnej lub Południowej można było cofnąć o kilka tysięcy lat do czasów, gdy korytarz był zamknięty, teoria by upadła. W tym przypadku pierwsze przybycie trzeba by było znacznie cofnąć do okresu sprzed maksimum ostatniego zlodowacenia i prawdopodobnie wcześniej niż 22 000 lat temu.

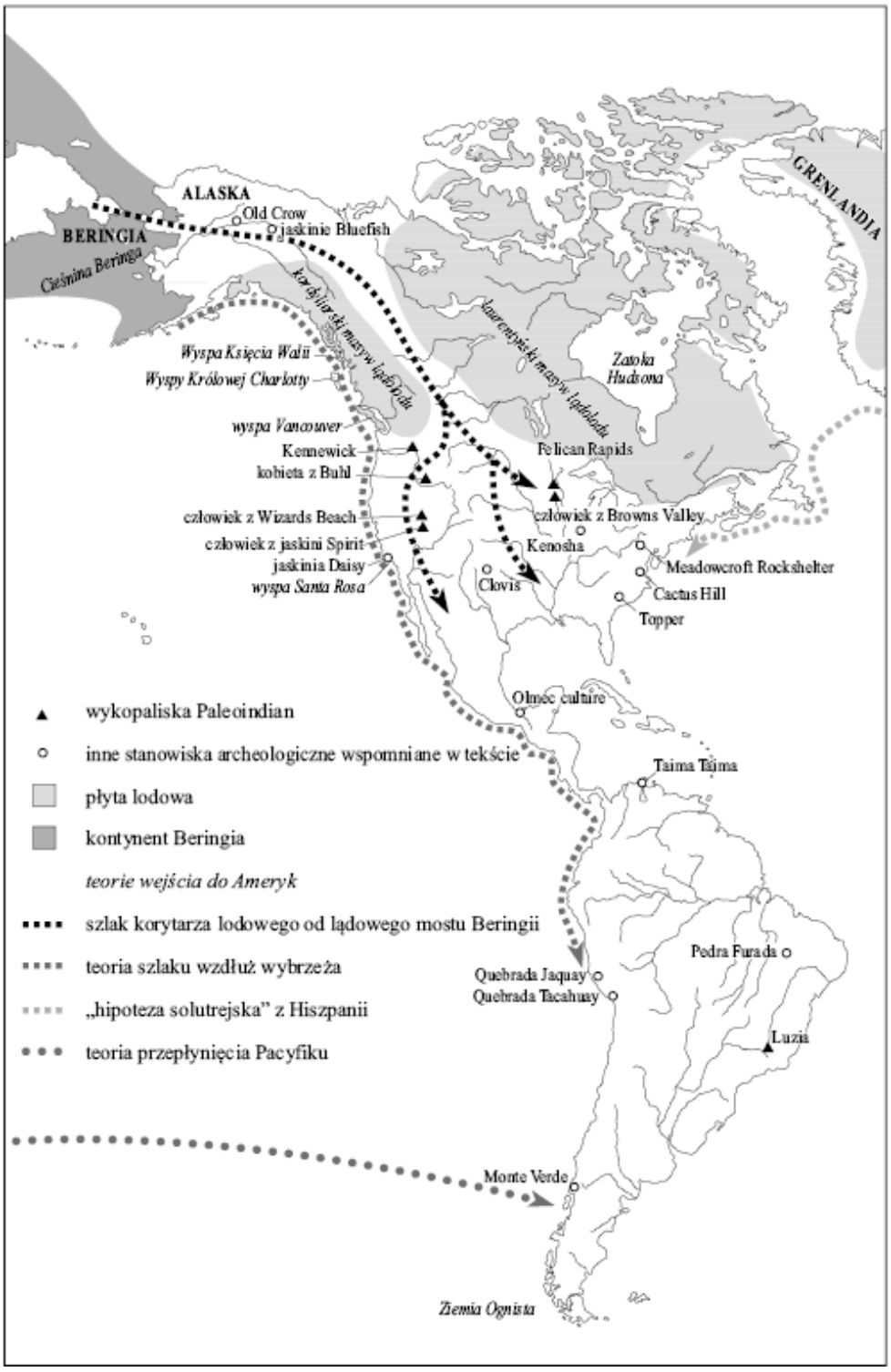
PRETENDENCI, HERETYCY CZY NAUKOWCY?

Z tego punktu widzenia usiłujący cofnąć daty o ponad 1500 lat przed kulturą Clovis w efekcie sugerowali wejście do Ameryk raczej przed okresem zlodowacenia niż po nim, czyli radykalnie nową teorię. Choć mogło to wyglądać na mniej przekonujące, jakikolwiek dowód zasiedlenia Ameryki Południowej choćby na krótko przed nastaniem kultury Clovis i z zastosowaniem innej technologii sprawiłby, że ostrza Clovis przestałyby być identyfikowane z pierwszym pojawieniem się człowieka w Amerykach.

Przez kilkadziesiąt lat pojawiło się wielu kandydatów, niezależnie czy mówimy o nowych odkryciach archeologicznych z okresu przed Clovis, czy o ich adwokatach. W jednym przeglądzie z roku 1990 naliczyłem osiemnaście konkurencyjnych stanowisk archeologicznych. To bardzo umiarkowane oszacowanie zapewne

połowy całkowitej liczby wyzwań z ostatnich dwudziestu lat. Większość owych pretendentów została rozgromiona przez obrońców ortodoksji pierwszeństwa Clovis za pomocą ataków na metody naukowe, kontekst i obserwacje. Niewielu przeżyło ten zmasowany ogień obrońców ortodoksji i choć przetrwali, nadal są w ogniu walki. Najbardziej uparci i poważni bronią wykopalisk w Monte Verde w północnym Chile i w Meadowcroft Rockshelter w południowo-zachodniej Pensylwanii (rysunek 7.1). Nowi kandydaci w tych szrankach to Cactus Hill w Wirginii i Topper/Big Pine w Karolinie Południowej[322].

Historia tych usiłowań i walki z nimi jest prezentacją środowiska akademickiego. Broń i argumenty stosowane przez obrońców na pewno pretendują do metod naukowych, sprowadzają się do starannej obserwacji, unikania znanych źródeł błędów, wyważonej logiki i odwoływania się do rozsądku, ale taktyka jest jawnie tendencyjna, selektywna, małostkowa, osobista i konfrontacyjna. Innymi słowy, jest to metoda defensywnego ataku, dezawuowania wszystkich możliwych błędów i niepewności w tym celu, by dobre dowody tak utytłać w dziegciu byle jakich, żeby dało się je razem odrzucić. Przypomina to tani serial sądowy, w którym świadek jest dyskredytowany przez bystrego, agresywnego prawnika. Jest to jednak antagonistyczne, a nie naukowe podejście. Ponadto w przeciwieństwie do sędziów archeolodzy nie muszą dążyć do zamknięcia sprawy lub teorii. Mogą pozostawić otwarte różne interpretacje dowodów. „Prawda” – czymkolwiek by była – nie jest materią procesu sądowego. Jednakże do obrońców teorii pierwszeństwa Clovis to nie dociera.



Rysunek 7.1. Teorie wejścia do Ameryki. W czasie szczytu zlodowacenia dostęp do Ameryk był zablokowany przez lody. Dwukrotnie lody otwarły przejście, raz tuż przed maksimum zlodowacenia, a drugi raz tuż po nim, wówczas Beringia stała się mostem dającym dostęp przez lodowy korytarz lub wzdłuż zachodniego wybrzeża.

Na rysunku pokazano również inne teorie oraz miejsca wspomniane w tekście. Dla jasności zaznaczono dzisiejszą linię brzegową.

Nie ma żadnej przyczyny, by *a priori* zakładać, że Ameryka została najpierw skolonizowana po ostatnim zlodowaceniu, gdyż zamknięte morzami Australia, Nowa Gwinea, a nawet wyspy Archipelagu Bismarcka oraz północne Wyspy Salomona skolonizowano na długo przed jego maksimum. Z drugiej strony należy ogólnie zakładać, że dowody są tym wyraźniejsze, z im późniejszych okresów pochodzą, a globalne efekty epoki lodowcowej zniszczyły wiele interesujących śladów w Ameryce Północnej. Zatem fakt istnienia wielu ostrzy Clovis leżących w ziemi od kilku tysięcy lat po maksimum zlodowacenia w dobrych warunkach w porównaniu z mniejszą liczbą potwierdzonych dowodów z okresu wcześniejszego nie świadczy o pierwszeństwie Clovis. Dowodzi zaledwie nieprawdziwości wcześniejszych, dziewiętnastowiecznych teorii, zgodnie z którymi Ameryka nie była skolonizowana przed 10 000 lat. Możemy jedynie oczekiwać, że dowody kolonizacji przedlodowcowej (jeżeli istnieją) kwestionujące teorię pierwszeństwa Clovis będą od niej słabsze.

MONTE VERDE

Ów spór możemy zilustrować historią kontrowersji wokół Monte Verde. Tom Dillehay z Uniwersytetu Kentucky brał udział w wykopaliskach na stanowisku Monte Verde w południowym Chile od 1977 roku i wraz z kolegami odkrył wart uwagi arsenał broni do ataku na cytadelę pierwszeństwa Clovis. Choć istnieją pewne dowody bardzo wczesnego osadnictwa w Monte Verde w postaci odłupków otoczaków datowanych na około 33 000 lat temu, „najlepszy" dowód został datowany dopiero ostatnio. Stanowisko jest torfowym bagnem, w którym zachowało się wiele szczątków organicznych i innych przekonujących pozostałości ludzkiego osadnictwa: ślad stopy, drewniane artefakty, struktury, które mogą być pozostałościami chat, ogniska domowe, pozostałości paleolam

i mastodontów, nasiona, orzechy, owoce, jagody i bulwy. Datowanie szczątków organicznych metodą radiowęglową przyniosło wynik od 11 790 do 13 565 (średnio 12 500) lat temu. Znaleziono również proste narzędzia kamienne, takie jak odłupki i otoczaki[323].

Monte Verde leży 12 000 kilometrów na południe od alaskańskiego korytarza lodowego i, jak dowodzi datowanie tutejszych szczątków na mniej więcej 12 500 lat, może poprzedzać Clovis o tysiąclecie. Budzi to logiczne pytanie, w jaki sposób ktoś mógł przejść lodowym korytarzem później niż 13 000 lat temu i znaleźć jeszcze czas na tak daleką podróż na południe i zmianę kultury[324]. Wygląda to na potężną amunicję do ataku przeciw ortodoksji pierwszeństwa Clovis. Można przewidzieć, że obóz pierwszeństwa Clovis przystąpi do kontrnatarcia. Aby przerwać stan impasu, został powołany niezależny zespół ekspertów.

W 1997 roku grupa zaproszonych najwybitniejszych specjalistów od Paleoindian, łącznie ze sceptykiem Vance'em Haynesem, zebrała się w Kentucky, aby wysłuchać prezentacji Dillehaya i odwiedzić Chile w celu dokonania inspekcji na stanowisku archeologicznym i poznania dalszych prezentacji. Każdy członek grupy otrzymał szczegółowy raport z wykopalisk wydany przez Instytut Smithsona. Uzgodniony raport tej grupy opublikowany później w tym roku w akademickim piśmie „American Antiquity" stwierdza, że jest to stanowisko archeologiczne, na którym osadnictwo jest datowane na około 12 500 lat temu. Kolejny artykuł w tymże piśmie, napisany przez specjalistów od datowania, w tym przez Vance'a Haynesa, potwierdza ten wiek, uwalniając datowanie od wszelkich podejrzeń o zanieczyszczenie węglem ze starszych źródeł[325].

Potem zdarzyło się coś, co ujawniło prawdziwe barwy tej dysputy. Przeobraziła się ona bowiem w akademicką wojnę o strefy wpływów, w której zabrakło miejsca na szerokość horyzontów, obiektywizm i rozsądek, których można oczekiwać od naukowej recenzji. Gdy tylko obóz Dillehaya uznał, że sprawa została zamknięta, mur sceptycyzmu przełamany, a Monte Verde ostatecznie uznane przez establishment, prywatny konsultant archeologiczny Stuart Fiedel opublikował długą i ostrą krytykę całego raportu z miejsca badań

archeologicznych. Dramat medialny przybrał na sile. Niezgodnie z utartymi zwyczajami, Fiedel nie umieścił swego ataku w piśmie akademickim, gdzie artykuły są naukowo recenzowane, lecz w popularnym magazynie „Discovering Archaeology" („Odkrywcza Archeologia")[326]. Pismo opublikowało również odpowiedzi grupy Dillehaya i osób ją popierających, jak również dalszy sceptyczny komentarz Haynesa uznany za częściowe wycofanie się z jego tez. Tym razem zrezygnowali nie wspierający Dillehaya, lecz establishment, a szczególnie „Archaeology", szeroko znany, wysokonakładowy organ Amerykańskiego Instytutu Archeologicznego (Archaeological Institute of America). Siła reakcji jest widoczna w dwóch przytoczonych niżej fragmentach publikacji; pierwszy z „Discovering Archaeology":

> Jeżeli przypadek nowej idei lub teorii zdaje się przekonujący, stary paradygmat spokojnie umiera, ustępując na tym szczególnym naukowym polu. Jednakże w rzeczywistości, a szczególnie w archeologii, rzadko zdarza się taka idealna kolejność zdarzeń. Zamiast tego osobiste kaprysy i duma często przenikają ten proces, zjadliwość i ataki *ad hominem* nadają ton debacie, a obiektywizm tonie w polemikach osobistych. Z tego powodu paradygmaty, zwłaszcza wiekowe, umierają trudniej niż Bruce Willis. Jest oczywiste, że tak jest w przypadku modelu „pierwszeństwa Clovis" lub „prymatu Clovis", który liczy już ponad pięćdziesiąt lat. (James Adovasio, *Paradigm-death and gunfights*)[327].
>
> [Fiedel] pokrywa wszystko patyną niemal konspiracyjnego braku zaufania i oskarżeń przeplecionych zbyt często warstwami pogardliwych uwag (na przykład „hamletowskie cierpienia Dillehaya"). I w tym w swej krytyce nie idzie na żadne ustępstwa. Wracając do rzeczy, najbardziej użyteczną, produktywną i konstruktywną procedurą (i oczywiście najbardziej otwartym i uczciwym postępowaniem) byłoby przesłanie Dillehayowi na początku szkicu krytycznego pisma w celu skomentowania i wyjaśnienia tego, co mogło być

trywialnym bądź wydawniczym problemem, by potem, po rozstrzygnięciu drobnych niezgodności i oczyszczeniu z nich głównej materii, przesłać treść do rygorystycznie recenzowanego pisma akademickiego. Fiedel tego nie zrobił. (David Meltzer, *On Monte Verde*)[328].

I z „Archaeology”:

Recenzja Fiedela jest oczywiście stronnicza i sformułowana w negatywnym tonie. Ignoruje materiał, który nie wspiera jego krytycznych tez, i w każdym punkcie, który omawia, przyjmuje zawsze bardziej krytyczny i nieprawdopodobny punkt widzenia. (Michael Collins, *The site of Monte Verde*)[329].
Jestem rozdrażniony utyskującym tonem komentarza Fiedela i wyciąganiem w interpretacji konfliktów bez znaczenia z minionych dziesięcioleci pisania o Monte Verde. Fiedel stoduje podejście, które w mojej opinii jest całkowicie niestosowne. Moim zdaniem grupę badawczą z Monte Verde należy docenić, a nie poniżać za gotowość do publikowania swych odkryć z największą dbałością o szczegóły i chęć dzielenia się wątpliwościami dotyczącymi własnych danych (…).
Uważam za tani chwyt wygrzebywanie wstępnych ocen i raportów prasowych w celu zaatakowania projektu Monte Verde. Nadal myślę, że słuszną rzeczą byłoby zmienić zdanie (o ile uczciwie podchodzi się do sprawy). Kwestionuję decyzję Fiedela o przekazaniu rękopisu do druku bez wcześniejszego przesłania go Dillehayowi i jego kolegom w celu skomentowania. Wracając do podnoszonej przeze mnie wcześniej kwestii samokrytycyzmu, jest oczywiste, że bezładną mieszaninę ciężkozbrojnego krytycyzmu Fiedela przydałoby się przewietrzyć przez bezpośredni kontakt z głównymi badaczami z Monte Verde. Gdyby doszło do tej wymiany zdań, moglibyśmy otrzymać zwarte podsumowanie rzeczywistych zagadnień, odsiane z plew i stronniczości (…).

> Zaskakiwanie grupy Monte Verde w ten sposób każe postawić pytanie o rzeczywiste motywacje Fiedela. Czy zasadniczym celem krytyki było wyjaśnienie możliwości wcześniejszego niż w Clovis osadnictwa w Monte Verde? Czy może chodziło jedynie o wypłynięcie w nagłówkach gazet w precyzyjnie wybranym czasie? Czy była to próba utrzymania się na fali, kto wie? (David Thomas, *One archaeologist's perspective on the Monte Verde controversy – Spojrzenie pewnego archeologa na kontrowersję Monte Verde*)[330].

Inne recenzje aprobowały krytykę Fiedela, ale wrzawa przez nią wywołana postawiła na Monte Verde wielki znak zapytania.

Dla zainteresowanego laika, a nawet archeologa niezaznajomionego z tym stanowiskiem archeologicznym, próbującego ocenić istotę sporu, wygląda to jak próba wybrania lekarza z grupy, w której wszyscy oskarżają się nawzajem o brak profesjonalnego działania. Jedyną oczywistą konkluzją wynikającą z tej sytuacji byłaby niewiara w opinię każdego. Być może wrzaskliwość obrońców ortodoksji pierwszeństwa Clovis jest miarą wielkości groźby, jaką dla nich stanowi Monte Verde. Ich odpowiedź służy jako podstawa do oceny obiekcji dotyczących innych wykopalisk, których odkrywcy śmią twierdzić, że są one starsze od Clovis. Jeżeli te obiekcje pochodzą od dobrze znanych obrońców ortodoksji pierwszeństwa Clovis, nie wierz im. Jeżeli zaś zastrzeżenia (lub argumenty na poparcie) pochodzą od neutralnych ekspertów lub całej zawodowej społeczności, podejdź do nich z uwagą.

MEADOWCROFT

Inne budzące kontrowersje stanowisko to Meadowcroft Rockshelter. Od trzydziestu lat pensylwański archeolog James Adovasio prowadzi tu prace. Wraz z kolegami przekopał się przez jedenaście warstw, odkrywając 20 000 kamiennych odłupków i przedmiotów oraz olbrzymią ilość szczątków zwierzęcych i roślinnych. Opublikowano

pięćdziesiąt dwa datowania radiowęglowe znalezisk w Meadowcroft, z najstarszym z dennej warstwy sterylnej gliny liczącym 31 000 lat i najmłodszym z warstwy wierzchniej ocenionym na 1000 lat. Daty niejednoznacznie powiązane z osadnictwem Paleoindian sięgają 16 225 lat temu, a wyniki zbliżone do 19 000 lat uznano za dotyczące najgłębszej warstwy osadnictwa[331].

Gdy tylko te daty zostały opublikowane, wywołały burzę protestów. Nietrudno zgadnąć, że najostrzejszym krytykiem był Vance Haynes, przez lata skupiający się na szczegółach stratygraficznych, dokumentacji, datowaniu anomalii i możliwych zanieczyszczeń na skutek pęknięcia żyły węgla o kilometr dalej. Adovasio uznał taki krytycyzm za patologiczny sceptycyzm. W odpowiedzi na szczegółowe pytania napisano tysiące stron. Zarzut zanieczyszczenia materii pogrzebano dzięki opinii niezależnego geomorfologa z 1999 roku, ale Haynes wciąż żąda datowania kilku pozostałych przedmiotów, łusek kilku nasion. Jednakże Adovasio ma już dość. Ogłosił, że trzy lata temu na spotkaniu w Monte Verde powiedział Haynesowi: „Nigdy nie podam panu żadnej daty, o jaką pan poprosi, gdyż od 1974 roku odnosiłem się do każdej krytycznej uwagi zgłaszanej przez kogokolwiek. Poświęciłem na to pół życia”[332].

Jeżeli zawodowi sceptycy w rodzaju Haynesa i Fiedela mają rację, należy im pogratulować zachowania rzetelnej postawy w obliczu wysypu fałszywych dowodów. Z drugiej strony, jeżeli racji nie mają, a ich podejście jest stronnicze, mogliby z sukcesem, choć bezcelowo, nieść dalej sztandar postępu amerykańskiej archeologii przez kolejne trzydzieści lat i sztucznie przedłużać życie przestarzałej teorii pierwszeństwa Clovis do około siedemdziesięciu lat. Wobec wciąż narastającego tempa odkryć naukowych byłoby to niezwykłe osiągnięcie. Nawet Hrdlicka nie osiągnął takiego rekordu obstrukcji na początku ubiegłego wieku.

Dwa nowe, ostatnio odkryte w Ameryce Północnej stanowiska archeologiczne z epoki sprzed Clovis wymagają natychmiastowej uwagi: Cactus Hill i Topper. Cactus Hill na Wschodnim Wybrzeżu w pobliżu Richmond w Wirginii ma już pełny raport napisany przez dwie współzawodniczące prywatne grupy archeologiczne, oczekujący

na rozerwanie na strzępy przez sceptyków[333]. Joseph i Lynn McAvoy z Wydziału Zasobów Historycznych Stanu Wirginia (Virginia Department of Historic Resources) kierują jedną grupą, drugą zaś Michael Johnson z Wirginijskiego Stowarzyszenia Archeologicznego (Archaeological Society of Wirginia). Cactus Hill to starożytna wydma piaskowa, nazwana tak od kryjących ją latem krzewów opuncji.

Odkrycie Cactus Hill zostało dokonane, jak to często się zdarza, przez spostrzegawczego farmera, który zauważył kamienne ostrze w kupie piasku w jakiś sposób zsypanego ze wzgórza i prześledził drogę do źródła. Przekopując się przez kolejne warstwy czasowe, zespoły archeologów odkrywały coraz starsze kamienne ostrza, wśród nich również ostrza kultury Clovis. W najniższych warstwach znaleziono narzędzia odłupkowe, skrobak, kwarcytowy rdzeń i małe ostrza. Datowanie za pomocą węgla radioaktywnego określiło wiek warstw dennych na 15 000–16 000 lat, czyli na okres sprzed otwarcia korytarza lodowego. W jednej głębokiej warstwie znaleziono niezwykłe ostrza w kształcie sugerującym, że z nich wyrósł późniejszy pełny styl Clovis. Razem z innymi narzędziami te znaleziska tworzą jeszcze jeden dowód istnienia kultury wcześniejszej od Clovis. Nie trzeba wspominać, że Haynes i Fiedel zajrzeli również tutaj, aby podważyć wiek artefaktów. Oczywiście nie starali się ich postarzać, lecz odmłodzić.[334]

Kolejne nowe stanowisko to Topper w Karolinie Południowej, nazwane tak na cześć Davida Toppera, leśnika, który je odkrył. Badaniami w tym miejscu kieruje Al Goodyear, stanowy archeolog z Uniwersytetu Kalifornijskiego. Pięć lat temu Goodyear z zespołem, zmuszeni zrezygnować z innego wykopaliska przez powódź, rozkopali zamiast niego Topper. Już wtedy dokopali się poniżej poziomu Clovis. Goodyear, poprzednio niebudzący kontrowersji wyznawca teorii pierwszeństwa Clovis, doznał szoku, widząc, co odkrył. Poniżej poziomu Clovis leżały małe czertowe ostrza, zdobne rylce, skrobaczka i mikroostrza. Ta technologia bardziej przypominała górny paleolit syberyjski niż cokolwiek innego dotychczas znalezionego na amerykańskim południowym wschodzie. Datowanie luminescencyjne określiło wiek tych artefaktów na 13 000 lat[335].

Czy sceptycy ponownie dorzucili swoje trzy grosze? Oczywiście. Tym razem obiektem kłótni nie są daty, lecz narzędzia. Gdzie zostały wykonane przez ludzi? Inna obiekcja: większość wykopalisk Clovis nie miała pod sobą starszych warstw. Według pisma „Science", Vance'owi Haynesowi trudno zakceptować, że to „czysty przypadek". Taki argument brzmi raczej jak nieuznanie rzymskiej okupacji Anglii, gdyż nie każdy angielski dom ma pod sobą rzymskie pozostałości. „Szukałem ich przez czterdzieści lat" – mówi Haynes. Hmm[336].

Dwa najnowsze wykopaliska datowane przed Clovis dolewają oliwy do ognia. To Schaefer i Hebior w południowo-wschodnim Wisconsin. Oba miejsca są datowane metodą radiowęglową na okres około 12 500 lat temu. W jednym z nich, Hebiorze koło Kenoshy, znaleziono odłupki, toporek i dwa dwustronne odłupkowe ostrza wśród kości porżniętych mamutów[337].

Włączenie się do sporu takich archeologów jak Dillehay, Adovasio, McAvoyowie, Johnson, Goodyear i ich koledzy, którzy starają się z maksymalną starannością udokumentować znaleziska, bez żadnych upiększeń, i uparcie odpowiadają na pytania krytyków w stylu, „co, jeśli", spowodowało całkowitą odmianę w dyskusjach nad czasami sprzed Clovis. Krytycy zaczynają w końcu być postrzegani przez establishment w mniejszym stopniu jako ostrożni doradcy, a raczej jako ci, którzy „protestują zbyt wiele".

Nareszcie osłabła twierdza pierwszeństwa Clovis. Mamy teraz wysyp powtarzających się, nowych lub alternatywnych wyjaśnień na temat wczesnej kolonizacji Nowego Świata. Debata przesuwa się od pytań, czy przed Clovis w ogóle ktokolwiek wkroczył do Ameryki i przewędrował oba kontynenty, aż po dyskusję, które i jak wiele egzotycznych tras wybrano. Te „wielkie strzały w Amerykę"[338], jeżeli wszystkie okażą się prawdziwe, oznaczałyby wielokrotne wejścia z różnych stron, w tym przez zachodnie wybrzeże, z Europy przez północny Atlantyk, z Australii przez południowy Pacyfik oraz ponowne wkroczenie do Ameryki Południowej po epoce lodowcowej (rysunek 7.1). Jednak dla każdego scenariusza mamy mniej bezpiecznych dowodów archeologicznych niż dla Monte Verde i Meadowcroft.

HISTORIA JĘZYKA

Nim przejdę do omawiania możliwych tras i opowiadania o tym, co geny potrafią nam o nich powiedzieć, chciałbym przedstawić nową dyscyplinę, która zawsze obiecywała doskonały wgląd w zdarzenia przeszłości: historię języka. Szkoda, że akademicki temperament ponownie wprowadził więcej zamieszania i w tej dziedzinie.

Lingwistyka porównawcza i historyczna ma w zakresie spekulacji o pierwszych Amerykanach równie sędziwą historię jak archeologia. I tutaj też ojciec założyciel narodu i wielki erudyta odegrał swą rolę. W 1784 roku Thomas Jefferson kierował kontrolowanym rozkopaniem starożytnego kopca w Wirginii. Było to pierwsze naukowe wykopalisko w historii amerykańskiej archeologii. Cztery lata wcześniej rozpoczął pionierskie wysiłki spisania w sposób zestandaryzowany słownika rdzennych Amerykanów. Chciał śledzić ślady ich pochodzenia za pomocą lingwistyki porównawczej. Do roku 1809 miał już kilkadziesiąt list, które jednak zostały skradzione i niemal całkowicie zniszczone podczas transportu jego rzeczy osobistych. Jefferson odzyskał fragmenty, które przetrwały, i przesłał je do Amerykańskiego Towarzystwa Filozoficznego (American Philosophical Society). Ameryka zatem zyskała narzędzie pozwalające spojrzeć przez obiecujące, choć jeszcze mętne okno na swoją przeszłość[339].

Co zatem Jefferson zamierzał robić z językiem? Jego pomysł był w zarysie prosty, ale prawie niemożliwy do zastosowania w rzeczywistości. Wygląda to tak: z upływem czasu język rozszczepia się na gałęzie. Jeżeli łączy się to z ekspansją ludów i dzieleniem na grupy, powinniśmy być w stanie określić daty tych rozszczepień i umieścić je na mapie; da nam to drzewo genealogiczne migracji. Na przykład języki europejskie, takie jak niemiecki, francuski, hiszpański i angielski, pochodzą wszystkie z jednego indoeuropejskiego pnia. Przez porównywanie ich za pomocą ustalonych reguł lingwiści potrafią pokazać, że oddzielały się od pnia progresywnie przez swoich martwych przodków takich jak łacina i język protogermański. Gdyby zdołano zrekonstruować całe

europejskie drzewo językowe – co pomimo istnienia kilku obszarów spornych jest możliwe – zapewne można by było prześledzić geograficzne rozszczepienia populacji.

A więc jeżeli nałożylibyśmy drzewo językowe na mapę, odkrylibyśmy na przykład, że francuski i hiszpański wywodzą się z łaciny, a nieco wcześniej z protoitalskiego. Angielski i niemiecki mają protozachodniogermańskie korzenie. Wszystkie języki z rodziny europejskiej ostatecznie łączą protoindoeuropejskie korzenie sprzed tysięcy lat. Teraz każdy może zacząć kreślić na mapie wielkie strzałki od A do B i C, od C do D itd. i pisać historię europejskiej kolonizacji według tego, co mówią języki.

Problem w tym, że mechanizm ów tak nie działa. Języki zmieniają się nie tylko w wyniku dzielenia się populacji i zmian przypadkowych. Na przykład z grubsza 15% angielskiego bez korzeni germańskich zostało przejęte z francuskiego. Słownictwo francuskie zostało przyniesione przez niewielką grupę normańskiej szlachty tysiąc lat temu, po normańskim podboju – jest to zjawisko językowe zwane zapożyczeniem. Francuski wtręt pojawił się w angielszczyźnie przez dominację nielicznej normańskiej elity, a nie na skutek masowej normańskiej migracji. Francuski jest językiem italskim, ale nikt na tej podstawie nie będzie sugerować, że wszyscy Francuzi są w prostej linii potomkami rzymskich najeźdźców. Język francuski zmienił się z celtyckiego w romański pod wpływem imperium rzymskiego. Nazywamy to przesunięciem językowym. Zapożyczenie i przesunięcie językowe mogą nastąpić nawet przy minimalnym ruchu ludności, co psuje uproszczony model synchronizacji migracji języka i ludzi.

Oczywiście Europa może nie być dobrym lingwistycznym wzorcem dla Stanów Zjednoczonych. Była zasiedlona przez ludzi od 45 000 lat lub więcej i przetrwała wiele skomplikowanych wewnętrznych ruchów ludności. Mamy jednak kilka dobrych przykładów ruchów ludności niosącej ze sobą jedynie własne języki w taki sposób, że drzewo językowe daje ślad historycznych migracji i wskazuje ich źródło. Te dobre przykłady prawie zawsze są migracjami na wcześniej niezajęte ziemie; tak na przykład Polinezyjczycy rozprzestrzenili się na pustych wyspach dalekiego Pacyfiku. Niewielka podrodzina języków polinezyjskich rzeczywiście wygląda jak drzewo,

które pokazuje rozprzestrzenianie się zgodnie z zapisem archeologicznym. Co więcej, w Polinezji obraz genetyczny pasuje bardzo dobrze do ścieżek lingwistycznych[340].

Kolonizacja Ameryk mogłaby, prawdę mówiąc, być traktowana podobnie do podboju Pacyfiku; gdyby przyjąć, że ludzie zajmowali olbrzymie, dziewicze terytorium – Nowy Świat – dzieląc się i rozchodząc jak promienie wysyłane przez gwiazdę. Problem w tym, że Ameryki zostały skolonizowane na długo przed Polinezją, która była zajmowana stopniowo raptem od 800 do 3500 lat temu.

Wielka głębia czasu ma dla zjawisk językowych krytyczne znaczenie i ogranicza możliwości rekonstrukcji. Ustalenie dat rozszczepień językowych jest skrajnie trudne, ponadto większość lingwistów wyczuwa, iż z powodu nieuniknionego zanikania powiązań między słowami rodzin językowych nie można zrekonstruować lub śledzić dalej niż do 6000–8000 lat wstecz[341]. A to zaledwie nieco ponad połowa wieku Clovis, więc zrekonstruowanie zunifikowanego drzewa języka Nowego Świata wstecz do samej podstawy stanowi główny problem. Jeżeli rodziny językowe rdzennych Amerykanów można śledzić wstecz jedynie do 7000 lat, gałęzie ich drzewa i korzenie będą na niższych poziomach zmieszane. Moglibyśmy wpatrywać się w gąszcz przyciętych gałęzi z niewielką szansą na ułożenie ich w drzewo. I rzeczywiście sprawa tak się ma z Ameryką Północną, Środkową i Południową, które charakteryzuje mnogość rodzin językowych; ponad setka dzieli się na 1200 języków. W opinii większości lingwistów nie można zebrać tego razem w pojedyncze drzewo, a utworzenie nawet kilku drzew wydaje się stanowczo zbyt ambitnym zadaniem. Usiłowanie dowiedzenia się na tej podstawie, jak wiele oddzielnych gałęzi językowych wkroczyło do Ameryki, byłoby w najlepszym razie edukacyjną zgadywanką. Nie powstrzymuje to jednak niektórych przed podejmowaniem takich prób.

Według oszacowania australijskiego lingwisty Roberta Dixona kilkanaście oddzielnych grup mówiących różnymi językami dotarło do Ameryk między 12 000 a 20 000 lat temu. Amerykańska lingwistka Johanna Nichols, znana z głębokiej analizy zmian

światowego języka zachodzących w czasie, sądzi, że około 35 000 lat temu Nowy Świat zajęły grupy niezależnie nadchodzące z Azji do Ameryki, a przyjęcie tego założenia jest konieczne do wyjaśnienia obecnej różnorodności amerykańskich rodzin językowych. Angielski lingwista Daniel Nettle uważa przeciwnie, że Ameryki osiągnęły swoją różnorodność rodzin językowych w ciągu ostatnich, powiedzmy, 12 000 lat[342].

Wielkim problemem jest używanie liczby rodzin językowych do szacowania upływu czasu. Dzieje się tak, ponieważ, pomijając brak zgodności odnośnie do kalibracji czasowej, nie wszyscy badający historię lingwiści zgadzają się co do tego, jak definiować rodziny językowe. W rezultacie ich liczba zmienia się zależnie od badacza i w każdym kraju. Lingwistów-historyków można ogólnie podzielić na „rozszczepiaczy" i „sklejaczy"; pierwsi tworzą wielką liczbę rodzin złożonych z kilku języków, drudzy zaś wolą niewiele superrodzin zawierających olbrzymią liczbę języków. Ekstremistą jest weteran amerykańskiej lingwistyki Joseph Greenberg, sławny z tego, że posunął się o wiele dalej niż większość amerykańskich lingwistów, głosi bowiem, że potrafi podzielić wszystkie rdzenne języki Ameryki na trzy grupy założycielskie. Na przeciwnym skraju mamy klasyfikację na ponad 160 rodzin. Większość amerykańskich lingwistów skłania się raczej ku większej niż mniejszej liczbie.

Obliczając ogólny wiek amerykańskich języków, wspomniana wyżej Johanna Nichols podała liczbę 167 amerykańskich „nadrodzin językowych" (grup języków, które można zrekonstruować lub odnieść wstecz do wspólnego węzła bądź rozgałęzienia), stosując ścisłe zasady lingwistyki porównawczej. Nichols szacowała liczbę amerykańskich nadrodzin językowych w celu porównania z językową różnorodnością innych krajów. Argumentuje, że w regionie w skali kontynentu lub subkontynentu, odizolowanym od wpływów zewnętrznych, liczba nadrodzin językowych rośnie jak liniowa funkcja czasu[343].

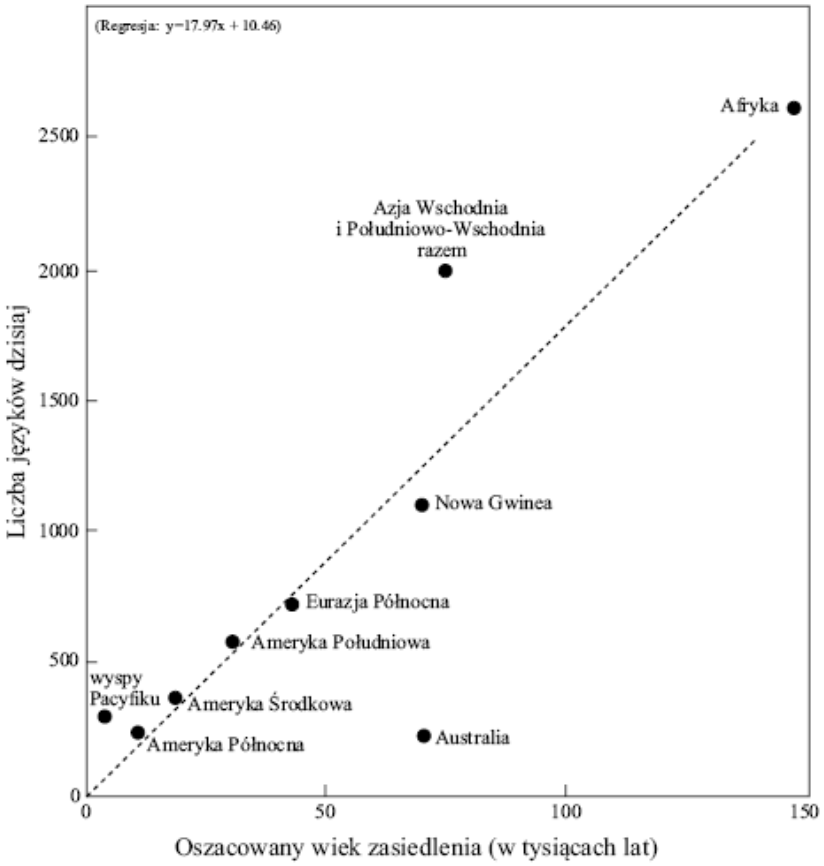
Te wszystkie analizy oparte na subklasyfikacjach sprawiają trudności. Po pierwsze, nie istnieje żadna uznana metoda redukowania liczby języków do nadrodzin lub rodzin i nawet podana

przez Nichols definicja „nadrodziny” wydaje się subiektywna. Po drugie, liczba indywidualnych języków w nadrodzinie zmienia się od kraju do kraju i z kontynentu na kontynent, z powodów w swej istocie spornych[344].

Jednakże w jakikolwiek sposób by patrzeć na nadrodziny językowe, w Ameryce Południowej znajdujemy o wiele większą różnorodność języków niż w Północnej. Ze statystycznego punktu widzenia, badając nieznaną zależność matematyczną, ogólnie bezpieczniej jest używać w analizie pomiarów najprostszych i surowych niż wartości pochodnych, które mogą nieść dalsze niewiadome. Surowe dane w tym przypadku to liczby języków, a nie nadrodzin.

Mając swobodę przedstawienia danych użytych przez Nichols i Nettle’a, pokazałem je na wykresie po prostu jako „liczby w czasie” (rysunek 7.2). Nakreśliłem liczbę światowych języków w regionie (zgrupowanych według kontynentów/subkontynentów, jak w oryginalnych danych Nichols) według oszacowanych dat zasiedlenia, używając pozorowanego, pośrednio liczonego średniego wieku 16 000 lat dla Ameryki Północnej, Środkowej i Południowej. Wynik jest raczej prosty: jak odkryła Nichols, istnieje prostoliniowa zależność między wiekiem osadnictwa i liczbą języków w każdym regionie. Wyjątkiem jest Australia, w której zawsze znajdowano mniejszą od oczekiwanej zgodnie z wiekiem osiedlenia różnorodność języków z dominującą jedną rodziną językową. Zależność jest tak prosta, że biorąc regiony Nichols: Amerykę Północną, Środkową i Południową, możemy wyliczyć z równania ich przybliżone lata zasiedlenia. Wynik jest interesujący, niemal karykaturalny, ponieważ zgrubnie liczony wiek językowy w Ameryce Północnej to mniej więcej wiek Clovis, około 13 000 lat, w Ameryce Środkowej wiek zlodowacenia – 20 500 lat, a w Południowej wiek wczesnego górnego paleolitu – 32 500 lat. Nie powinniśmy przywiązywać wielkiej wagi do dokładności tych liczb, ale podają nam pewne jasne uszeregowanie wiekowe z południa na północ. To uszeregowanie potwierdza, że Ameryki zostały skolonizowane przed ostatnim zlodowaceniem. Ameryka Północna mogła zostać wyludniona w epoce lodowcowej i stąd mamy efekt reekspansji po maksimum

zlodowacenia, z niewieloma językami i zgodnością wydedukowanej daty z Clovis. Zlodowacenie nie miało większego wpływu na Amerykę Południową, która mogła w spokoju generować nowe języki, dlatego wygląda na swój wiek. Ameryka Środkowa, przyjmująca podczas reekspansji migracje z Ameryki Północnej, osiągnęła pośrednią różnorodność między dwiema pozostałymi[345].



Rysunek 7.2. Wykres liczby języków regionalnych w Amerykach i na świecie. Warto zwrócić uwagę, jak punkty dla Ameryk zostały przewidziane przez równanie regresji. Dwa odbiegające przypadki można wytłumaczyć faktem, że Australia ma tylko jedną główną rodzinę językową, a Azja Południowa i Południowo-Wschodnia powinny być rozbite na oddzielne zasiedlenia, lecz zostały pokazane razem, jak w oryginalnych danych Nichols.

Ponieważ Ameryka Południowa musiała zostać skolonizowana z Ameryki Północnej przez wąskie gardło Panamy (zob. niżej), stanowi w efekcie jeszcze jeden Nowy Świat. Pierwsze dotarcie

do Ameryki Południowej przed ostatnim zlodowaceniem wydaje się zatem najprostszą i najbardziej oczywistą interpretacją jej późniejszego od Ameryki Północnej wieku językowego. Małe zróżnicowanie językowe Ameryki Północnej, zwłaszcza jej północy, może być konsekwencją wyludnienia podczas maksimum zlodowacenia i następującej potem reekspansji niewielkiej liczby języków w okresie topnienia lodów. Jak zobaczymy, model reekspansji znajduje potwierdzenie w genetyce.

PÓŁNOCNA ENKLAWA

Podczas gdy jedynie niewielu amerykańskich lingwistów rozpoznaje amerindiańską, największą grupę językową Greenberga, która według niego obejmuje 97% wszystkich języków Ameryki, nie ma większych niezgodności w kwestii dwóch innych grup, znalezionych daleko na północy i nazwanych na-dene i eskimo-aleucką. Tym samym wkraczamy w długą opowieść. W 1986 roku Greenberg połączył siły z genetykiem i specjalistą od badań odmian uzębienia. We trzech opublikowali teorię znaną jako „hipoteza Greenberga”[346], według której synteza trzech dyscyplin mówi o trzech niezależnych migracjach do Nowego Świata, odróżnialnych genetycznie, językowo i według morfologii zębów. Pierwsza z tych migracji przyniosła przodków rdzennych Amerykanów, którzy mówili wielką liczbą języków sklasyfikowanych przez Greenberga jako amerindiańskie. Druga grupa, na-dene, przyniosła konglomerat języków północno-zachodnich i języków wybrzeża, takich jak Athapascan, Haida i Tlingit, a trzecia, eskimo-aleucka, dała języki Wysp Aleuckich i Arktyki. Jeżeli brać pod uwagę daty, synteza Greenberga była konserwatywna, sugerując przybycie trzech grup językowych odpowiednio wcześniej niż 11 000, 9000 i 4000 lat temu.

Łagodny, symplicystyczny redukcjonizm Greenberga spodobał się w tym czasie genetykom badającym zaludnienie Ameryk, ale nie większości amerykańskich lingwistów, którzy na długo wcześniej odrzucili niemal jednomyślnie metody Greenberga. Niektórzy

argumentowali, że różnorodność języków amerykańskich i ich nadrodzin oznacza oddzielne migracje, podczas gdy ostrożniejsi dysputowali nad integralnością grupy amerindiańskiej i wnioskach wynikających z założenia, iż grupa ta w ogóle istniała[347].

ILE GENETYCZNYCH LINII ZAŁOŻYCIELSKICH? ILE MIGRACJI?

Od końca lat osiemdziesiątych XX wieku, w miarę zdobywania coraz więcej informacji o genach rdzennych Amerykanów, przepaść między lingwistami i genetykami raczej się poszerzała, niż zwężała. Genetycy, miast uznać skolonizowanie Ameryk przez kilka migracji, dążyli do ograniczenia magicznej, podanej przez Greenberga liczby migracji z trzech do dwóch, a potem nawet jednej. Różnili się również od Greenberga i archeologów w datowaniu pierwszej migracji, której wiek na początku podnieśli aż do 50 000 lat, na co nawet niektórzy archeolodzy opowiadający się za epoką wcześniejszą niż Clovis i lingwiści, zwolennicy „głębokiego datowania" otwarli usta z wielkim zaskoczeniem. Multidyscyplinarna synteza jest wystarczająco trudna, gdy każda dyscyplina inaczej śpiewa, a co począć, gdy do tego śpiewa dla innego audytorium?

Trzeba przyjrzeć się kilku osiągnięciom badań genetycznych rdzennych Amerykanów od roku 1990, aby zrozumieć, jak zrodziła się taka rozbieżność poglądów. W 1991 roku nieżyjący już nowozelandzki genetyk Ryk Ward wysekwencjonował niewielką liczbę mitochondrialnego DNA Nuu-Chah-Nulth (Amerykanów z północnego zachodu z nadrodziny amerindiańskiej) i zidentyfikował cztery klastry lub linie sekwencji. Wyliczył, że od 41 000 do 78 000 lat temu ułożyły się w jedną linię. Przezornie słusznie wywnioskował, że ten oryginalny punkt rozgałęzienia musiał istnieć dużo wcześniej w Azji. Oznacza to, że do Ameryki musiało wkroczyć wiele linii. Dokonana przez Warda interpretacja czterech znalezionych rodów rozpoczęła spekulacje genetyków o liczbie zdarzeń migracyjnych trwających po dziś dzień[348].

W 1993 roku japoński genetyk Santoshi Horai dowodził, że cztery rody mogą oznaczać cztery migracje[349]. To symetryczne przypisanie jednego rodu do jednej migracji zostało przez niektórych potraktowane jako zbyt uproszczona interpretacja odkrywcy efektów założyciela i amerykańskiej genetycznej różnorodności, ale jeszcze nie wypowiedziano ostatniego słowa w tej kwestii. Jednakże dotychczas inni genetycy już sugerowali, że być może nawet trzy migracje to za dużo.

AMERYKI I GENETYCZNA GEOGRAFIA

Początkowe wyniki badań mtDNA amerykańskiego genetyka Douglasa Wallace'a i włoskiego Antonia Torroniego oraz ich współpracowników zasugerowały, że podczas gdy mówiący językiem amerindiańskim przybyli około 20 000 lat temu, używający języka na-dene na północno-zachodnim wybrzeżu Alaski pojawili się o wiele później, dopiero około 6000–10 000 lat temu. W następnym roku (1993) Torroni i Wallace oczyścili typy mtDNA, które brały udział w kolonizacji Ameryki. Przeprowadzili analizę o wysokiej rozdzielczości na próbce 527 rdzennych Amerykanów z dwudziestu czterech grup etnicznych z całej Ameryki (z wyjątkiem Inuitów), 404 mieszkańców Syberii z czterech grup etnicznych i 16 innych osób z Azji Wschodniej[350].

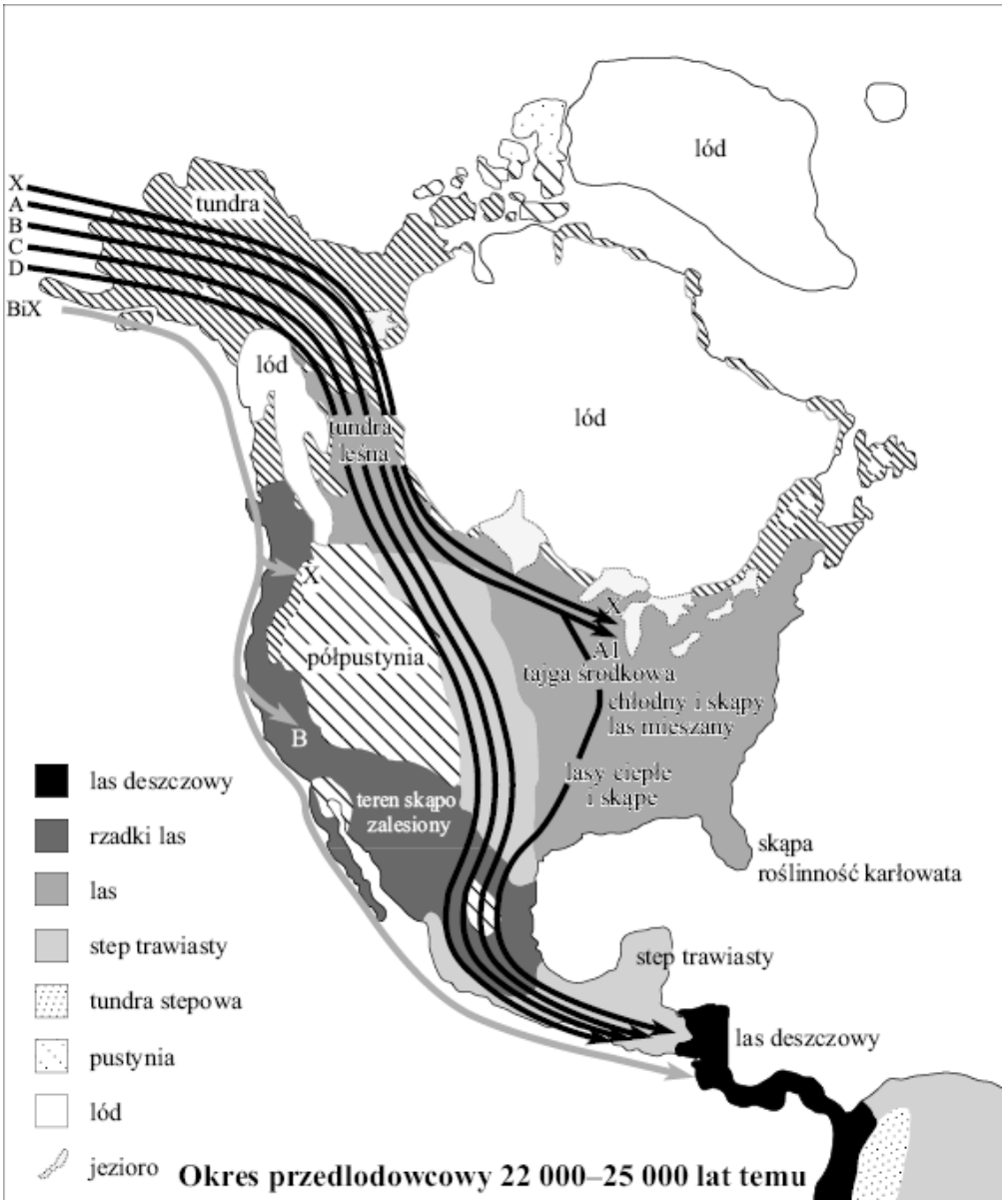
Była to pierwsza podjęta kiedykolwiek próba nakreślenia formalnych zasad „filogeograficznych" w celu identyfikowania oryginalnych „założycielskich typów genetycznych". Torroni i Wallace twierdzili, że:

1. Prawdziwe typy założycielskie mtDNA powinny znaleźć się w korzeniach poszczególnych gałęzi, gdyż wszystkie następcze typy tych gałęzi powinny od nich pochodzić.
2. Powinno być wciąż możliwe wyśledzenie typów założycielskich mtDNA w regionie, który był źródłem migracji, w tym przypadku w Azji Wschodniej.

3. Następcze (należące do córek) typy mtDNA w założycielskich liniach amerykańskich powinny być unikatowe w Ameryce i nie powinny występować w Azji.

Wśród wszystkich populacji mówiących językami amerindiańskimi, Torroni i Wallace zidentyfikowali cztery główne klastry założycielskie, które mogły pochodzić od pojedynczego typu mtDNA. Te klany (mówiąc ściśle, haplogrupy), oznaczone literami A-D, nakładały się na trzy grupy Warda. Tylko jeden klaster, A, został znaleziony na północy u mówiących językiem na-dene. Również identyfikowanie mutacji typów założycielskich było takie samo dla siostrzanych klastrów znalezionych po drugiej stronie Cieśniny Beringa w Azji Wschodniej. (W rozdziałach 4 i 5 przyjrzeliśmy się tym czterem grupom w Azji, więcej o tym zob. dalej). Chociaż te cztery grupy są ogólnie wspólne dla Amerykanów i wschodnich Azjatów, specyficznych, amerykańskich córek czterech linii założycielskich nie znaleziono w Azji. Innymi słowy, prawdopodobnie rozwinęły się w Ameryce. Te odkrycia pozostają w zgodzie z trzema zasadami podanymi powyżej, co oznacza, że cztery klastry nadeszły z Azji jako założycielskie już z gotowym zestawem haplogrup A, B C i D[351] (rysunek 7.3).

Torroni i Wallace twierdzili również, że typy mtDNA były specyficzne i typowe dla poszczególnych grup rdzennych Amerykanów. Oznacza to, że wcześniej rozpoczęła się izolacja plemion, gdyż przepływ genów między nimi został ograniczony. Wszystkie cztery grupy znajdowane na Syberii, poza grupą B, sugerują, że ten region mógł być oryginalnym źródłem, lub przynajmniej że wschodnia Syberia i Ameryka mają wspólne źródło.



Rysunek 7.3. Sugerowane przedlodowcowe wejścia linii założycielskich mtDNA do Ameryki Północnej. Dowody genetyczne sugerują przejście w tym czasie przez Beringię wszystkich pięciu linii. Dla linii X i B sugerowałem podwójną trasę wybrzeżem i korytarzem, choć być może B dotarła jedynie wybrzeżem.

Po prawdopodobnym zidentyfikowaniu typów założycielskich można było następnie użyć zegara molekularnego do oceny wieku każdego z założycielskich klastrów. Wyniki były zaskakujące: grupy A, C i D okazały się bardzo stare (od 20 000 do 41 000 lat w Ameryce), oczywiście o wiele starsze od Clovis, podczas gdy B

miała wiek zbliżony do Clovis. Wówczas Torroni i Wallace uśrednili te rezultaty dla wcześniejszego niż Clovis wejścia grup amerindiańskich oraz możliwego, późniejszego dotarcia grupy B. Sugerowali odróżnienie pochodzenia na-dene i grupy eskimo-aleuckiej. Choć tym razem postępowali ostrożnie, nie określając dokładnej liczby migracji, można było wydedukować, że było ich trzy[352].

Odkrycia Torroniego i Wallace'a zdają się całkiem dobrze pasować do modelu Greenberga. Bezpośredni problem stanowi jednak skala czasowa. Młody wiek grupy B sugeruje nawet możliwość niezależnej polodowcowej ekspansji Clovis w Ameryce[353]. Jednakże najstarsze kolonizacje sugerowane przez zegar molekularny mają jedynie minimalne potwierdzenie w dowodach archeologicznych, uznawane przez niewielu archeologów, ale wszystkie nowsze daty i tak dotyczą okresów o wiele dawniejszych niż Clovis. Podsumowując, można powiedzieć, że nowe dowody genetyczne idą raczej o wiele dalej, niż uzgodnili archeolodzy i lingwiści.

Jak się okazało, wcześniejsze niż Clovis daty genetyczne są trwalszymi konkluzjami głównych badań. Ponowne oszacowania wieku grupy B u grupy amerindiańskiej również skłaniają raczej do przyjęcia daty przed niż po Clovis. Badania opublikowane po podaniu wyników przez Torroniego i Wallace'a w roku 1993 ujawniają podobny wiek trzech grup A, C i D, wspierając w ten sposób tezę, że wszystkie główne linie mtDNA dotarły do Ameryki przed maksimum zlodowacenia. Datowania genetyczne starszych linii otworzyły nawet możliwość skolonizowania Ameryk podczas poprzedniego zlodowacenia, 30 000 lub nawet 40 000 lat temu[354].

Nasze perspektywiczne spojrzenie na kolonizację Ameryki uległo zmianie dzięki szczegółowemu poznaniu odgałęzień odchodzących od głównych gałęzi założycielskich i rozwojowi metod stosowanych do ich datowania. Sposoby postrzegania i nowe metody, jakie zostały rozwinięte w wyniku szerokich i kosztownych badań amerykańskiej prehistorii genetycznej, dały podstawy dalszych, o wiele trudniejszych badań w Afryce, Azji i Europie, które dostarczyły znaczną część nowej wiedzy na temat starożytnych migracji dyskutowanych w tej książce.

TRZY GRUPY GREENBERGA SĄ W AMERYCE MIĘDZY SOBĄ POWIĄZANE

Wraz ze wzrostem liczby znaczników wewnętrzna struktura amerykańskich gałęzi mtDNA odkrywa genetyczne powiązania między grupami na-dene, eskimo-aleucką i amerindiańską, jakich Torroni i Wallace nie pokazali we wcześniejszej pracy. Na początku sądzili bowiem, że mówiący językami eskimo-aleuckimi i na-dene mieli jedynie znaczniki grupy A i że w jakiś sposób wskazuje to na pochodzenie od oddzielnej migracji. Wkrótce uświadomiono sobie, że przedstawiciele grupy eskimo-aleuckiej należą do obu grup A i D. Ich grupa D została zidentyfikowana jako D2, nowa podgrupa azjatyckiej grupy D, której dotąd nie odnotowano ani w Azji, ani w Ameryce. Główny amerykański typ założycielski D, oznaczony jako D1, jest częściowo spokrewniony z D2, ale unikatowy dla Amerindian[355].

O wiele bardziej przekonujący argument, że mówiący językami na-dene i eskimo-aleuckimi mają wspólne źródło z Amerindianami, zyskaliśmy wraz z odkryciem, że amerykański klaster A jest w rzeczywistości złożony z unikatowej, założycielskiej linii A1 i jej córki A2 (i innych córek). A1 jest córką z pierwszej generacji azjatyckiego typu korzenia A, a A2 córką A1 – zrodzoną w wyniku mutacji. Podczas gdy A1 znaleziono jedynie w amerindiańskiej grupie Greenberga, A2 odkryto we wszystkich trzech grupach językowych, a w grupach na-dene i eskimo-aleuckiej był to jedyny typ. Te skomplikowane relacje założycielskie niosą proste przesłanie: wiążą razem trzy grupy Greenberga w „rodzinę", w której mają przynajmniej jedno założycielskie wspólne źródło – amerykańską linię założycielską A. Ani A1, ani A2 nie znaleziono w Azji, z wyjątkiem syberyjskich Inuitów i Czukczów (język czukocki należy do unikatowej czukczo-kamczackiej grupy języków paleosyberyjskich używanych na wschodnim skraju Syberii i na Półwyspie Kamczackim)[356].

Te dwa syberyjskie ludy mają dalszą, unikatową subgrupę A2, wspólną ze wszystkimi innymi inuickimi (eskimoskimi) populacjami Ameryki Północnej i Grenlandii, wciąż utrzymującymi swą rodzinę

razem jak gdyby sieć spokrewnionych typów A. Ponownie to wskazuje na pojedyncze wejście do Ameryk. Podobna sieć podgrup spokrewnionych z jedną założycielską zdawała się z początku wiązać podgrupy D w całej Ameryce. D2 było cechą grupy eskimo-aleuckiej, podczas gdy inna spokrewniona, ale unikatowa podgrupa D1 była znajdowana niemal wyłącznie u Amerindian, którzy tworzą większość rdzennych Amerykanów[357].

Okazuje się, że te genetyczne odkrycia wzmacniają powiązania między trzema grupami rdzennych Amerykanów, dwiema arktycznymi i subarktycznymi z trzecią (amerindiańską grupą Greenberga) z dalszego południa. Mogłoby to nas zaprowadzić wstecz do redukcjonistycznej idei pojedynczej migracji, pozostawiając jednak kilka zdumiewających pytań. Na początek – najbardziej przekonujące powiązanie między trzema grupami językowymi, rodzinna sieć A1/A2, choć powstała po wyjściu z Azji, nadal ujawnia bardzo głęboki i starożytny podział. Rozszczepienie to oddziela grupy arktyczne i subarktyczne od reszty Amerykanów na południu. Ponadto podgrupa A2 w grupie eskimo-aleuckiej i na-dene jest znacznie młodsza od reszty Ameryki.

SKĄD TAK MAŁO RÓŻNORODNOŚCI NA PÓŁNOCY? MUSI TO BYĆ WPŁYW ZLODOWACENIA

Inną nierozwiązywalną trudnością, z którą borykają się usiłujący powiązać kolonizację amerykańskiej Arktyki i regionów subarktycznych z zaludnieniem reszty dwóch kontynentów w jedną migrację z Azji, jest nierówność rozkładu grup założycielskich. Zgodnie z zasadą analizy założycielskiej – i ogólnej zasady ewolucji – im bardziej zbliżamy się do źródła migracji, tym bardziej prawdopodobne staje się znalezienie wszystkich założycieli. I odwrotnie, im dalej odchodzimy od początku migracji, tym silniej różnorodność się zmniejsza. W Amerykach jest dokładnie odwrotnie. Daleko na północno-zachodniej Alasce, gdzie musiała sie rozpocząć migracja do Ameryk, znajdujemy teraz tylko jedną linię założycielską

A, reprezentowaną jedynie przez jej typ pochodny A2. Ponadto B i C zupełnie brakuje w całej Arktyce i regionach subarktycznych. Odwrotnie jest w pozostałej części Ameryki, gdzie grupy od A do D są szeroko rozłożone i zróżnicowane. Wydaje się, że nic tu nie pasuje. W jaki sposób A, B, C i D mogą być szeroko rozpowszechnione w obu Amerykach, skoro u wrót wejściowych na Alasce i w sąsiednich częściach Kanady znajdujemy wyłącznie raczej młody żeński klan A2?

Duża różnorodność genetyczna w południowej połowie Ameryki Północnej i nawet większa w Ameryce Południowej oraz najniższa na skrajnej północy (w Kanadzie i na Alasce) jest pod wieloma względami odwróconym odbiciem rozkładu liczby języków. Jeżeli teoria pierwszeństwa Clovis jest słuszna i pierwsze zaludnienie nastąpiło po maksimum zlodowacenia, wszystko powinno wyglądać odwrotnie. Jak dowodziłem w przypadku języków, gdyby pierwsza kolonizacja nastąpiła przed epoką zlodowacenia, znaczne terytoria Ameryki Północnej w jej wyniku stałyby się wyludnione. Gdyby podczas „wielkiego topnienia" nastąpiła reekspansja, ludy północne powinna cechować niższa różnorodność i w konsekwencji byłyby „młodsze" w porównaniu z ludami dalszego południa.

Pomysł fazy ekspansji w Ameryce Północnej po okresie zlodowacenia, który mógłby wyjaśnić część „odwróconych do góry nogami" odkryć genetycznych, został już przedstawiony w 1993 roku[358]. Genetyk z Alaski Gerald Shields wraz z kolegami zauważył, że wszystkie okołoarktyczne populacje w Azji i Amerykach okazują się genetycznie młode, podobne do siebie i odmienne od populacji z dalszego południa obu kontynentów. Zwłaszcza grupa B jest całkowicie nieobecna na północ od 55 równoleżnika. Przekonywali, że ludy okołoarktyczne mogły pochodzić od późniejszej ekspansji pojedynczej północnej populacji, pozbawionej genetycznej różnorodności. Dowodzili także, że ta ekspansja nastąpiła już po skolonizowaniu Ameryk przez bardziej zróżnicowane populacje. Ten obraz populacji z niewielkim zróżnicowaniem genetycznym rozszerzającym się na Kanadę i Alaskę po okresie zlodowacenia i po wcześniejszym skolonizowaniu obu Ameryk czekała jeszcze

konieczność wyjaśnienia niektórych genetycznych i lingwistycznych problemów tych regionów.

SCHRONIENIE NA UTRACONYM KONTYNENCIE BERINGII

Pozostawał problem, skąd nastąpiła reekspansja dalekich północnych grup. Z Azji czy z Ameryki? Nowe dowody genetyczne powiązań A1/A2 mogłyby wskazywać na Amerykę, podczas gdy obecność A2 wśród syberyjskich Czukczów i Inuitów sugeruje możliwość azjatyckiego źródła. Tak, czy inaczej, jeżeli grupy na-dene i eskimo-aleucka pochodzą z tej samej oryginalnej genetycznej nadrodziny co pozostali Amerykanie, skąd taka różnica wieku i skąd tak głębokie rozszczepienie genetyczne, fizyczne i lingwistyczne?

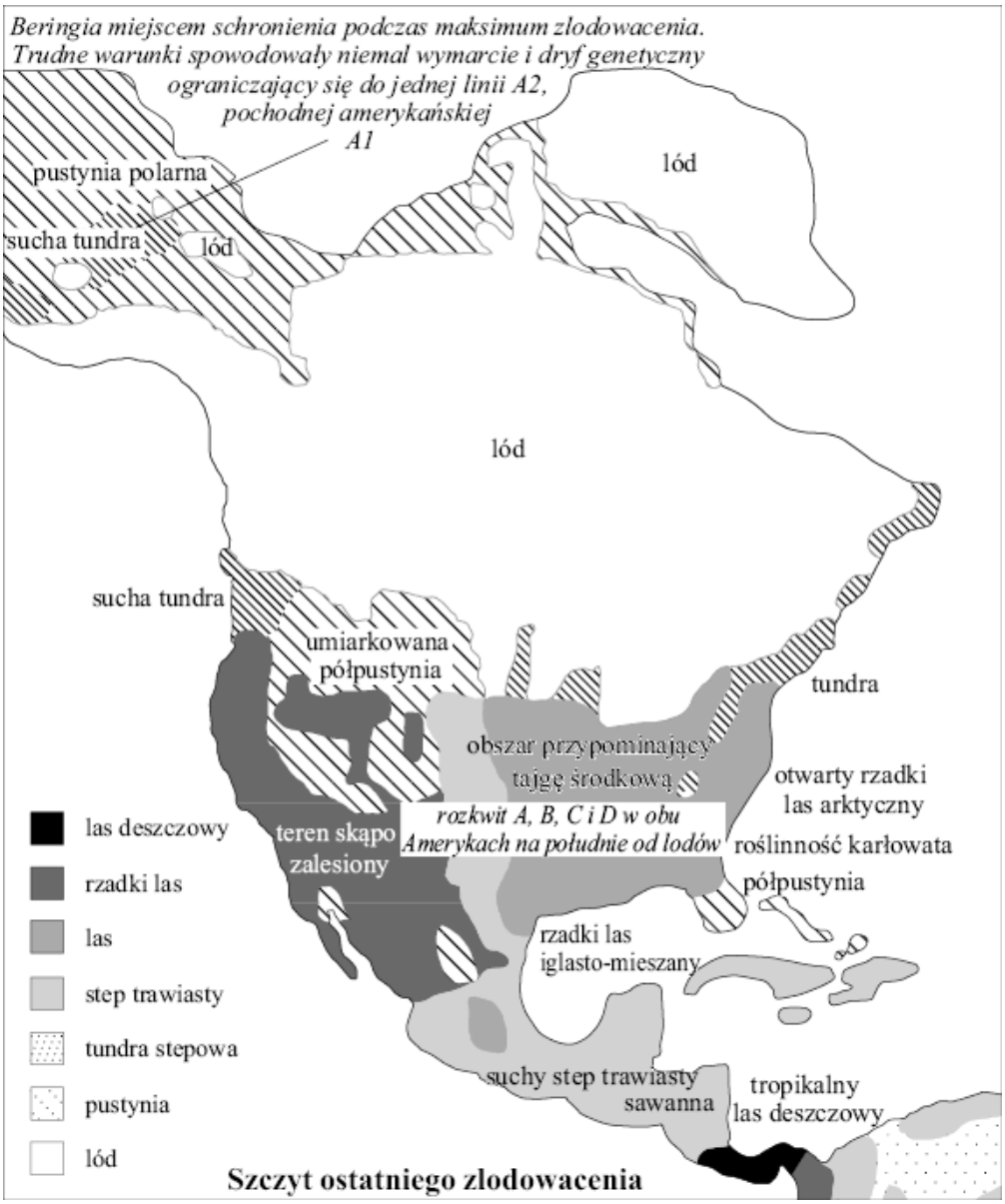
W 1996 roku genetyk Peter Forster wraz z międzynarodowym zespołem dał spójne wyjaśnienie tych problemów. Wyglądało to jak w przypadku problemu szachowego, który zadziwiał ludzi przez długi czas: odpowiedź na pytanie, skąd przyszli, okazała się tak prosta. Do współpracowników Forstera należeli Antonio Torroni i niemiecki matematyk erudyta Hans Jürgen Bandelt, twórca i inspirator wielu analiz niezbędnych do stworzenia prawdziwego drzewa genetycznego pokazanego w tej książce. Odpowiedzią na pytanie o położenie ojczyzny amerykańskich ludów północy nie była ani Azja, ani Ameryka, lecz inny kontynent – Beringia[359] (rysunek 7.1).

Między 11 000 a 25 000 lat temu poziom mórz był tak niski, że Cieśnina Beringa stanowiła lądowy most między Azją i Ameryką Północną. Beringia była jeszcze czymś więcej: była sama olbrzymim kontynentem o powierzchni 1,3 miliona kilometrów kwadratowych w okresie największego zasięgu. Była nie tylko wolna od lodów, lecz także porośnięta trawiastą tundrą karmiącą stada roślinożernych ssaków. Lata były oczywiście chłodniejsze niż dzisiaj, ale zimy – paradoksalnie – łagodniejsze. Przez większość okresu istnienia lądowego mostu czapy lądowe sięgały dalej na południe i, jak wcześniej wspomniałem, w okresie między 15 000 a 22 000 lat temu lodowy korytarz był zamknięty, prawdopodobnie uniemożliwiając

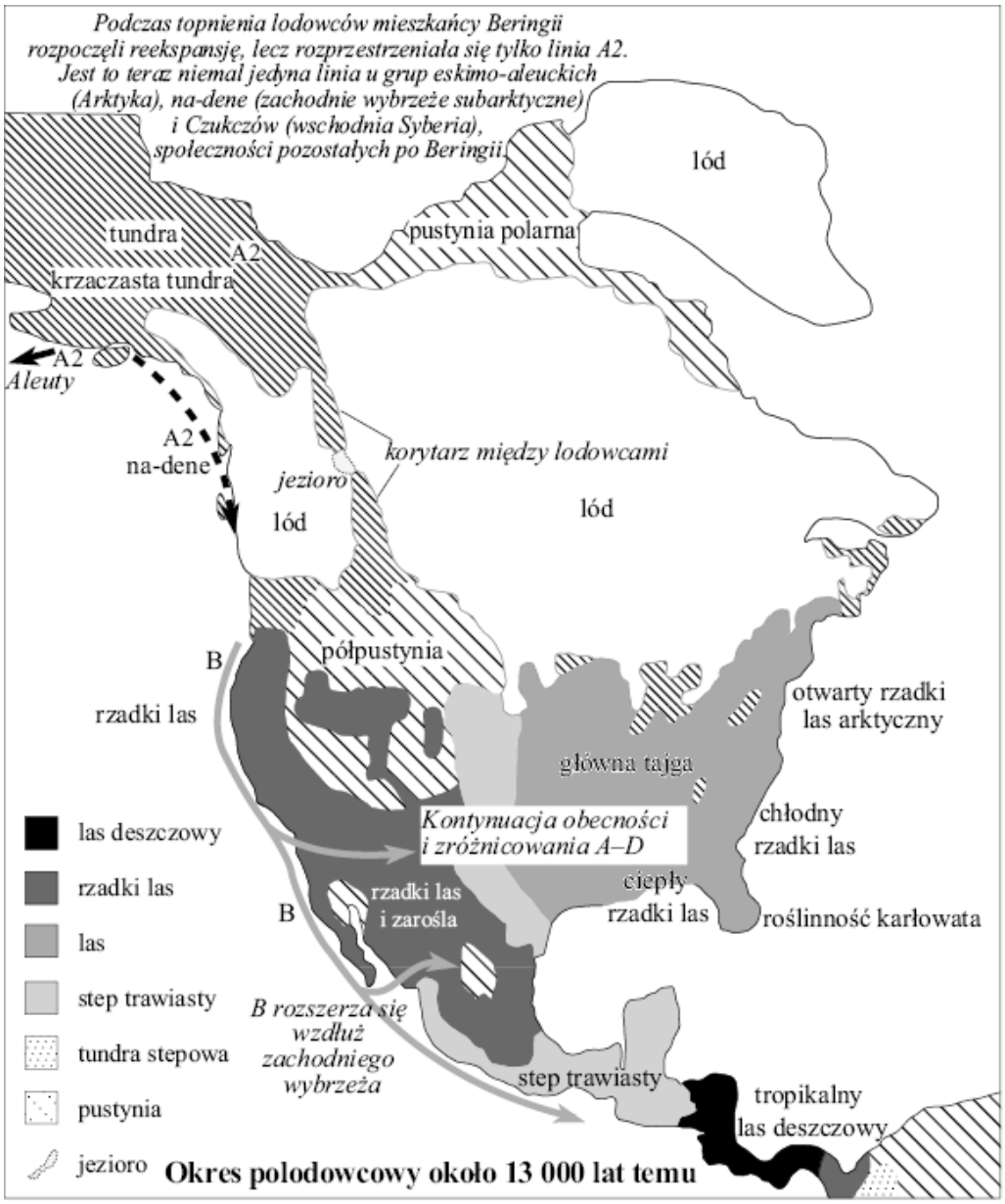
kontakt dalekiej północy z resztą Ameryki. Syberyjskie zaplecze raczej nie mogło wydawać się bardziej kuszące niż Ameryka Północna, będąc w tym czasie arktyczną pustynią, więc Beringia i zachodnia część Alaski stały się miejscem ucieczki odciętym od obu kontynentów (rysunek 7.4). Istnienie tego azylu, w którym przechowały się pozostałości oryginalnych genetycznych założycieli Ameryki, wyjaśnia, dlaczego grupy na-dene i eskimo-aleucka z ich tak niską różnorodnością zdają się tak różne od reszty Ameryki, jednak są z nią powiązane przez swoje grupy A1/A2 drzewa genetycznego[360].

CZY DATY PASUJĄ DO WEJŚCIA SPRZED EPOKI LODOWEJ?

Dotąd, tak. Analizy mtDNA w wysokiej rozdzielczości wskazywałyby, że zbiór mitochondrialnych linii założycielskich, jaki przybył z Beringii przed maksimum zlodowacenia, rozproszył się na Ameryki. Wtedy nadeszła epoka lodowcowa, odcinająca ludy żyjące w dzisiejszej Kanadzie i na Alasce od reszty populacji z dalszego południa. W tym procesie genetyczne zróżnicowanie dalekich mieszkańców północy zostało ostro zredukowane przez skrajny niedostatek bliski wyniszczenia podczas próby przetrwania zlodowacenia w Beringii. A co z genetycznymi datami? Czy pasują do nowej teorii jednego wkroczenia do Ameryk przed epoką zlodowacenia i powtórnej późniejszej reekspansji?



Rysunek 7.4. Ameryka Północna podczas maksimum ostatniego zlodowacenia. W tej epoce żaden dalszy ruch nie był możliwy i przodkowie subarktycznych Amerykanów zostali zamknięci w azylu Beringii, dryfując do jednej linii A2. Na południe od lodowych pól reprezentanci grup A, B, C i D mogli dalej rozwijać swą różnorodność językową, kulturalną i genetyczną.



Rysunek 7.5. Polodowcowa reekspansja mtDNA w Ameryce Północnej rozpoczęła się przed 13 000 lat. W Beringii powiększył się obszar tundry, otwierając dostęp do Aleutów i na południe do zachodniego wybrzeża, co pozwoliło grupie A2 ekspandować wśród grup eskimo-aleuckiej i na-dene. Lodowy korytarz jeszcze nie jest całkowicie otwarty. Grupa B może poszerzać swoje terytorium wzdłuż zachodniego wybrzeża na południowy zachód.

Odpowiedź brzmi: tak, i do tego bardzo dobrze. Dla regionów na południe od czap lodowych Forster z zespołem wyliczyli wiek A1, A2,

B, C i D1 u Amerindian z Ameryki Północnej, Środkowej i Południowej. Dziesięć z dwunastu analizowanych grup było starszych od Clovis. Aby zwiększyć precyzję obliczeń, uśrednili wiek wszystkich czterech grup (A–D) w każdym z trzech regionów. Amerindianie pojawili się w Ameryce Północnej 23 000 lat temu, w Środkowej 16 000 lat temu, a w Południowej 21 000 lat temu. Trafiły się więc linie założycielskie A1, A2, B, C i D1, które przybyły wcześniej niż 21 000–22 000 lat temu, gdy zamknął się lodowy korytarz.

Gdy Forster i jego grupa tylko spojrzeli na pochodne typy A2 grup eskimo-aleuckiej i na-dene, ocenili wiek ekspansji na 11 300 lat, sugerując okres zbliżony do Clovis (rysunek 5.5.). Kolejne przyjrzenie się tym badaniom dało nam dodatkowe wrażenie, że kultury i ludy inuickie są stosunkowo niedawnym zjawiskiem, lecz nadal przechowują swoje genetyczne dziedzictwo starożytnych założycieli Ameryki[361].

Według mnie wyniki osiągnięte przez Forstera i jego kolegów należą do najważniejszych dat wyjaśniających skomplikowaną historię amerykańskiej kolonizacji. Zawierają również pierwszy dowód genetyczny, już wcześniej sugerowanej przez archeologów, reekspansji z Beringii. Warto podsumować wnioski. Po pierwsze, zostało potwierdzone istnienie, zidentyfikowanych przez Antonia Torroniego i jego grupę w 1993 roku, czterech głównych amerykańskich typów założycielskich, wyrastających z czterech azjatyckich grup A–D: A1 (prowadzącej do A2), B, C i D1. Po drugie, te cztery linie prawdopodobnie przybyły do Ameryki przed Clovis i przed maksimum zlodowacenia 18 000 lat temu. Po trzecie, ojczyzną tych wędrujących do Ameryki linii założycielskich była Beringia, a nie Azja.

Ten ostatni punkt może wyglądać jak dzielenie włosa (lub kontynentów) na czworo, ponieważ do Beringii ludzie musieli ostatecznie dotrzeć z Azji, ale nie jest to przesadna drobiazgowość. Jak twierdzą Forster i jego współpracownicy, w jakiś czas po pierwszym skolonizowaniu przed ostatnią epoką lodowcową, aż po ostatnie tysiąclecie istnienia, Beringia była skutecznie odcięta od Azji

i żadni założyciele stamtąd do niej nie docierali. Wkrótce poznamy ważność tego rozróżnienia. Beringia była źródłem amerykańskich liniii genetycznych zarówno przed maksimum zlodowacenia (Amerindianie), jak i podczas arktycznej i subarktycznej reekspansji grup na-dene i eskimo-aleuckiej. Polodowcowa reekspansja z Beringii niosła prawdopodobie jedynie A2, ponieważ wiek lodu spowodował niemal wyniszczenie ludów na północy w tak zwanym genetycznym wąskim gardle, gdzie przetrwała tylko jedna linia genetyczna.

Później proponowano inne, podobne scenariusze wczesnych migracji do Ameryk, w których większość założycieli, jeżeli nie wszyscy, pojawiła się przed epoką zlodowacenia[362].

LINIA X

Zanim przyjrzymy się dowodom mającym rozstrzygnąć, czy ta przedlodowcowa inwazja była pojedyncza czy wielokrotna, musimy rozważyć jeszcze jedną żeńską założycielską linię genetyczną. Piąta założycielka ma niejasną osobowość, która pojawiła się w ciągu ostatnich kilku lat, dlatego nadano jej imię X.

W 1991 roku Ryk Ward zaproponował cztery klastry. Dwa lata później Torroni z kolegami zidentyfikowali własne grupy A, B i C w trzech klastrach Warda i rozwikłali sprawę pozostałych typów, częściowo dzięki nowej grupie D, pozostawiając resztę czwartego klastra Warda w koszu nierozwiązanych problemów z ogólną etykietą „inne". Przez kilka następnych lat więcej zespołów badawczych spostrzegło, że ta inna grupa jest, jak od początku sugerował Ward, innym klastrem o pojedynczym pochodzeniu – innymi słowy, piątą amerykańską linią założycielską. Wśród nich była argentyńska genetyczka Graciela Bailliet ze współpracownikami, a także matematyk Hans Jürgen Bandelt ze swoją grupą, którzy odnotowali prawdopodobieństwo istnienia piątej linii założycielskiej w związku z własną, nową metodą budowania drzew genetycznych. Ponowna analiza grup założycielskich Forstera w 1996 roku zdefiniowała i nazwała ten nowy amerykański klan grupą X. Potwierdziło to, że

piąty amerykański założyciel i europejska grupa X, którą Torroni zidentyfikował w tym samym roku, mają tego samego wspólnego przodka X[363].

Amerykańska grupa X miała północny zasięg, ograniczony do dwóch oddzielnych regionów wokół 50 równoleżnika zamieszkanych przez przedstawicieli kultury posługującej się językiem amerindiańskim. Pierwszą z tych grup na północno-zachodnim Pacyfiku stanowią Jakimowie w stanie Waszyngton i Nuu-Chah-Nulth. Ci drudzy to kultura rybacka odkryta na zachodnim wybrzeżu wyspy Vancouver (a także na półwyspie Olympic w stanie Waszyngton) z tradycją kulturalną nieprzerwaną od 4000 lat. Udział grupy X w tych społecznościach sięga odpowiednio 5% oraz 11–13%. Inne grupy północne z typem X to Siuksowie i Odżibwejowie ze wschodnich terenów leśnych wokół zachodniego krańca Wielkich Jezior. Wskaźnik linii X u tych ostatnich to 25%[364].

Czy typy X rdzennych Amerykanów mogły przedostać się ostatnio z europejskich linii żeńskich do plemiennych populacji? Niemal na pewno nie, ponieważ linia X była obecna w tych regionach wśród ludów prekolumbijskich. Oryginalne, staranne badania Warda wykluczyły możliwość znaczącej europejskiej domieszki wśród Nuu-Chah-Nulth. W przypadku rdzennych Amerykanów z lasów wokół Wielkich Jezior, bezpośredniego dowodu obecności X wśród populacji prekolumbijskich dostarczyła analiza starożytnego mtDNA prehistorycznej społeczności Oneota wzdłuż rzeki Illinois[365].

CZŁOWIEK Z KENNEWICK: PREKOLUMBIJSKIE ZWIĄZKI Z EUROPĄ?

Transatlantycka krzyżówka DNA między Europejczykami i rdzennymi Amerykanami pomogła rozpalić chroniczną i raczej pozbawioną szans na rozstrzygnięcie debatę o tym, kto pierwszy dotarł do Ameryki. Kością niezgody jest problem podobieństwa szkieletów starożytnych Amerykanów i Europejczyków. Czaszki starożytnych Amerykanów datowane na okres od 5000 do 11 000 lat temu były badane przez

dekady i jak wiadomo, różnią się od czaszek późniejszych mieszkańców, ale nie wiadomo, dlaczego tak się dzieje.

W 1996 roku, w którym grupa założycielska X otrzymała swe imię i została powiązana z Europejczykami, dwóch młodych ludzi w rzece Kolumbia w Kennewick w stanie Waszyngton znalazło czaszkę. Sędzia śledczy wezwał lekarza antropologa Jamesa Chattersa, któremu udało się odzyskać więcej szkieletu. W miednicy zmarłego tkwił zakamieniały kamienny grot dzidy, typowy dla tego miejsca z okresu 4500–8500 lat temu. Oczywista starożytność żłobkowanego, liściastego kamiennego grotu skłoniła sędziego śledczego do zlecenia badania radiowęglowego i DNA.

Od początku było oczywiste, że czaszka nie przypomina współczesnych rdzennych Amerykanów. Był to człowiek w wieku od czterdziestu do pięćdziesięciu pięciu lat, o długiej czaszce i wąskiej twarzy z wystającym podbródkiem, z wyglądu przypominający raczej Europejczyka niż szerokogłowego, okrągłolicego osobnika, jakiego moglibyśmy oczekiwać.

Na profesjonalnej rekonstrukcji wykonanej przez Jamesa Chattersa jest on uderzająco podobny do znanego z serialu *Star Trek* Patricka Stewarta, choć być może łysa głowa rekonstrukcji wzmaga to wrażenie. Problem w tym, że człowiek z Kennewick nie należał do rasy kaukaskiej. Niektóre jego cechy można opisać jako kaukaskie, inne jako azjatyckie. Cechy nadające mu wygląd podobny do Europejczyka podchwyciła prasa i kręgi białych rasistów chętnych do ogłoszenia, że Ameryka została skolonizowana przez białych dawno, dawno temu.

Uzębienie człowieka z Kennewick należało do typu Sundadont, co sugeruje pochodzenie z Azji Południowo-Wschodniej, a jego oczodoły nie przypominały ani europejskich, ani cechujących obecnych rdzennych Amerykanów. Intensywne badania różnych kombinacji cech jego czaszki ujawniły, że z przetrwałych do dzisiejszych czasów populacji najbardziej przypomina Ajnów i ludy południowego Pacyfiku, w tym Polinezyjczyków[366]. Najbardziej uderzające było to, jak bardzo nie przypomina on współczesnych mu ludów sprzed 5000 lat. O człowieku z Kennewick dowiedziano się

o wiele więcej. Był wielokrotnie ranny i miał wiele złamań kości, a jego dieta była bogata w morskie białka, na przykład łososia.

Datowanie radiowęglowe potwierdziło wiek szkieletu na 8400 lat[367]. Szkielet został skonfiskowany przez Korpus Inżynieryjny Armi Stanów Zjednoczonych (US Army Corps of Engineers) i stał się przedmiotem wojny między różnymi grupami prawników. Niezależnie od tego kilka laboratoriów usiłowało uzyskać próbkę DNA z jego kości. Z powodów technicznych i za sprawą zanieczyszczenia współczesnym DNA okazało się to niemożliwe, czego bardzo szkoda.

Uwieńczona sukcesem analiza DNA mogłaby dostarczyć kilka różnych wyników, które jednakże nie przyniosłyby odpowiedzi na żadne pytania. Mitochondrialny DNA, choć przydatny przy śledzeniu ruchów społeczności, jest jednak zbyt małym fragmentem naszego kodu genetycznego. Nie mówi nam, jak mamy wyglądać, ale często potrafi powiedzieć, skąd pochodziła nasza matka. Na przykład, gdyby zdarzył się cud i niezanieczyszczona próbka mtDNA człowieka z Kennewick pokazałaby nam jego przynależność do jednego z typowych europejskich klanów z wzorcem blisko pasującym do współczesnych Europejczyków, mogłoby to stanowić dowód bezpośredniego wkroczenia Europejczyków do Ameryki Północnej. Większość innych możliwych wyników najprawdopodobniej stanowiłaby raczej ogólne potwierdzenie pochodzenia rdzennych Amerykanów w linii żeńskiej, ale nie dałaby dowodu braku europejskiej kolonizacji w ciągu 9000 lat. Niepowodzenia prób w uzyskaniu niezanieczyszczonych próbek są jednym z wielu problemów badania starożytnego DNA; jeżeli czysty DNA uda się uzyskać, jest to wciąż pojedyncza próbka, która niewiele nam mówi o reszcie populacji i jej historii. Z tych powodów badanie na wielką skalę mtDNA współczesnych populacji przynosi ogólnie znacznie więcej informacji niż dociekania z użyciem pojedynczych starożytnych próbek.

Dalsza analiza związku człowieka z Kennewick z Europejczykami dowodzi, że jego lokalizacja nad rzeką Kolumbia w stanie Waszyngton w pobliżu północno-zachodniego wybrzeża Ameryki

umieszcza go w pobliżu jednego z dwóch regionów, gdzie odkryto grupę X, zwłaszcza blisko plemienia Jakimów.

HIPOTEZA SOLUTREJSKA

Pomysł, że Europejczycy ze swą technologią przekroczyli Atlantyk w czasach prehistorycznych, nie jest nowy i pojawił się na długo przed znalezieniem człowieka z Kennewick. Jedną z najbardziej znanych teorii tego typu jest hipoteza solutrejska (rysunek 7.1). Denis Stanford, antropolog z Instytutu Smithsona, uchodzi za jej autora[368]. Według niej w szczycie ostatniego zlodowacenia lub może nieco później kilku myśliwych z południowo-zachodniego regionu schronienia na pograniczu Francji i Hiszpanii (zob. rozdział 6) wsiadło do łodzi. Przepłynęli Atlantyk od wybrzeża europejskiego, wokół północnego aż do amerykańskiego, gdzie stali się ludźmi kultury Clovis. Kultura z okresu maksimum zlodowacenia w południowo-zachodnim europejskim regionie schronienia jest znana pod nazwą solutrejskiej i słynie z pięknie wykonywanych dwustronnych ostrzy. Ostrza solutrejskie są rzadkiego typu i podobne do ostrzy kultury Clovis lub jej poprzedników, takich jak znalezione na Cactus Hill.

Teorię solutrejską wspiera obecność w obu kulturach po dwóch stronach Atlantyku zwyczaju naganiania stad zwierzyny na urwiska. To niezbyt mocne wsparcie, gdyż istnieją dowody, że metodę praktykowali również ludzie przedrozumni w Chinach. Twierdzi się również, że największa koncentracja najstarszych ostrzy Clovis, która znajduje się w południowo-wschodniej części USA, wskazuje na miejsce lądowania imigrantów. Na pewno z tą teorią są problemy, z których największe mają charakter praktyczny. Kultury solutrejskie pojawiły się przed Clovis, ta zaś – jak jasno pokazał Vance Haynes – nastała dopiero dobrze po szczycie zlodowacenia. Jeżeli wytwórcy solutrejskich ostrzy wybrali się w podróż wokół północnego pobrzeża Atlantyku w okresie maksimum zlodowacenia, musieli ominąć skute lodem wybrzeże wokół Nowego Jorku[369].

Niestety, takim teoriom, mającym udowodnić wczesny pobyt Europejczyków w Amerykach, przeciwstawianym poglądowi o ich znacznie późniejszej odpowiedzialności za gwałt dokonany na pięknym Nowym Świecie, genetyka nie może zaoferować żadnego wsparcia. Według genetyka Michaela Browna ze Szkoły Medycznej Uniwersytetu Emory w Atlancie jest raczej odwrotnie. Potwierdzając, że amerykańska linia X jest naprawdę pojedynczym piątym klastrem, Brown z kolegami obliczył czas przybycia założyciela na okres od 23 000 do 36 000 lat temu, o wiele za wcześnie dla hipotezy solutrejskiej lub każdej innej polodowcowej. X jest w Ameryce równie starożytna jak pozostałe cztery linie założycielskie. Mający pięć córek klaster X rozprzestrzenił się w Ameryce Północnej na różne regiony Wielkich Jezior i zachodniego wybrzeża wokół 50 równoleżnika mniej więcej w tym samym czasie[370].

Nie ma najmniejszej wątpliwości, że amerykańskie i europejskie linie X mają wspólnego przodka, lecz mogły się od niego odszczepić nawet dawniej niż 30 000 lat temu. Gdyby to była w Amerykach późna, choć przedkolumbijska domieszka, powinna się ujawnić u rdzennych Amerykanów z typowymi europejskimi podgrupami X lub innymi wspólnymi dla Europejczyków liniami, gdyż X występuje w Europie całkiem rzadko. Tak się jednak nie dzieje. Amerykańska X najprawdopodobniej musiała przybyć z Azji tą samą drogą co cztery pozostałe linie założycielskie mtDNA (rysunek 7.3).

Siłę mitochondrialnego DNA w śledzeniu takich starożytnych zależności zademonstrowano w *Prawdziwej Ewie* (*The Real Eve*), opartym na tej książce dokumentalnym filmie kanału Discovery. Producenci zdecydowali, by losowo pobrać niewielką liczbę próbek DNA od amerykańskich wolontariuszy o różnym pochodzeniu etnicznym. Próbki mtDNA zostały pobrane i przeanalizowane przez Martina Richardsa w jego laboratorium w Huddersfield w West Yorkshire. W jednej z końcowych scen filmu uczestnicy zostają poinformowani o wynikach (z pełnymi konsekwencjami). Przez rzadki zbieg okoliczności okazało się, że dwaj z nich, Amerykanin z pochodzeniem greckim i rdzenny Amerykanin z plemienia Kri, należą do tego samego klanu X mtDNA. Przez moment spoglądali na

siebie na wskroś laboratorium, najpierw milcząco i ze zdumieniem, potem okazując emocje z powodu ujawnienia tak starożytnego powiązania między nimi.

ILE GRUP MIGRACYJNYCH I SKĄD?

Prawdziwą genetyczną zgadywankę dotyczącą pochodzenia X w Amerykach stanowi jej rzadkość w Azji, z czym łączy się pytanie o to, z jakiego miejsca w Eurazji pochodzi. Jest to część większego problemu – próby wyjaśnienia, czy Ameryki zostały zaludnione przez pojedynczą, czy przez wielokrotne migracje – który powinien być najpierw rozwiązany. A więc nim przyjrzymy się, jak X dostała się zarówno do Europy, jak i do Ameryk, musimy ponownie zbadać, jakie dowody mogą nam powiedzieć, jak wiele migracji mogło zasiedlić Ameryki. Ale czyż tego już nie rozwiązałem, prezentując tak zwaną hipotezę jednej fali i reekspansji, genetyczny dowód, że wszystkie pięć linii dotarło do Ameryki przed okresem zlodowacenia? Jednak nie. Niepewność określania wieku genetycznego dotyczy zwykle tysięcy lat i choć można odwołać się do genetyki w argumentacji przeciw hipotezie pierwszeństwa Clovis, nie możemy jej zastosować do pokazania, że wszystkie pięć linii założycielskich wkroczyło do Ameryk dokładnie w tym samym czasie.

Przyglądając się badaniom genetycznym nad zaludnieniem Ameryk, możemy zauważyć wyraźną tendencję postępującego od lat dziewięćdziesiątych XX wieku redukcjonizmu z zamianą czterech migracji na trzy, trzech na dwie i ostatecznym ograniczeniem do pojedynczej kolonizacji Ameryk przez reekspansję tych samych typów założycielskich. To minimalistyczne podejście nie znajduje odbicia w racjonalizacji całkowitej liczby żeńskich amerykańskich linii założycielskich, których ponad dziesięć lat temu na początku naliczono cztery, a obecnie uznaje się przynajmniej pięć.

Przez prostą analogię pięć nici mtDNA, które skolonizowały Ameryki, to pięć razy więcej od pojedynczej linii afrykańskiej, która skolonizowała cały nieafrykański świat; zatem istniała wielka grupa

założycielska bez żadnego dryfu genetycznego lub kolonizatorzy wkraczali na oba kontynenty wielokrotnie. To nie daje silnego wsparcia tezie o pojedynczej kolonizacji Ameryk z następujących powodów. W rozdziale 2 argumentowałem, że pojedyncze wyjście z Afryki łączy się logicznie z pojedynczą męską i żeńską linią afrykańską, które stały się rodzicielskimi dla reszty świata. Zejście do jednej linii wymaga, aby grupa założycielska przeszła przez okres izolacji i dryfu. Ten argument oczywiście nie może znaleźć zastosowania w przypadku Ameryk, jest bowiem możliwe, że Ameryki zostały skolonizowane przez pojedynczą wielką grupę łowców-zbieraczy, nie można jednak tego wywnioskować z dowodów genetycznych, nawet z analizy chromosomu Y. Słabość takiego dowodzenia została milcząco uznana przez genetyków Anne Stone i Alana Stonekinga, którzy ostatnio argumentowali za „pojedynczym" wejściem. Trzy wiersze przed postulowaniem „wielkiej fali ludzi" stwierdzili rozbrajająco, że „najprawdopodobniej wiele małych grup ludzi przywędrowało przez Beringię za zwierzyną"[371].

Ale czy to ma jakieś znaczenie, że pojedyncza fala składała się z jednej bądź wielu małych grup? Myślę, że tak, ponieważ jeden zespół implikuje logicznie jedno źródło geograficzne. Kilka laboratoriów genetycznych przyjęło teorię pojedynczego amerykańskiego wejścia, cofając się o krok do Azji w poszukiwaniu pojedynczego geograficznego źródła rdzennych Amerykanów. Są tak przekonani o konieczności istnienia jednego miejsca pochodzenia, że szukają w Azji regionu z wszystkimi pięcioma amerykańskimi liniami założycielskimi[372]. Pomysł, że w Azji może się znajdować region skupiający wszystkie właściwe linie genetyczne i odpowiednią technologię paleolityczną, jest nie tylko naiwny, ale jak się przekonamy, nie pasuje do innych obserwacji.

Tak czy inaczej historia genetyczna opowiedziana przez Petera Forstera i innych nie przewiduje w Azji ojczyzny. Mówi nam raczej o ojczyźnie w teraz częściowo zatopionej Beringii, schronieniu rozciągniętym na dwóch kontynentach i bez przerwy zaludnionym w okresie zlodowacenia. Zatem to Beringia przyjęła napływające migracje prawdopodobnie z kilku części Azji i służyła za punkt

etapowy dla dalszej migracji. Warunki klimatyczne w okresie tuż przed szczytem zlodowacenia odcięły Beringię ekologicznie, najpierw od Azji (polarną pustynią), a później od Ameryki (lodem). Nim Ameryki zostały skolonizowane i nim pola lodowe ostatecznie zablokowały dalszą drogę do Kanady, żeńskie linie osadnictwa w Beringii zdryfowały w dół do pięciu, które ostatecznie dotarły do Ameryk. Wtedy, podczas zlodowacenia i po skolonizowaniu Ameryk, populacja Beringii uległa dalszej redukcji do tylko jednej z pięciu założycielskich linii mtDNA, grupy A.

Powrócimy potem do możliwych azjatyckich i innych źródeł tych pięciu linii. Najpierw zastanówmy się, jaki inny dowód może nam powiedzieć, czy z Azji do Beringii dotarła tylko jedna, czy wiele migracji? Poszukiwaliśmy dotąd jednego jasnego kawałka dowodu mówiącego nam, że pierwsi Amerykanie nie byli czym innym jak tylko – przepraszam za określenie – klonami pojedynczego plemienia azjatyckiego. Takim kawałkiem dowodu jest człowiek z Kennewick, który fizycznie przełamuje szablon swymi niemongoloidalnymi cechami właściwymi Ajnom i ludom południowego Pacyfiku. Oczywiście nigdy nie poznamy jego koloru skóry, nie dowiemy się, czy jego włosy były czarne, skręcone w loki, proste lub jakiekolwiek inne, ale wiemy, że był wyraźnie różny od nowoczesnych rdzennych Amerykanów i nie był jedynym tak odmiennym wczesnym północnym Amerykaninem.

Człowiek z jaskini Spirit (Spirit Cave Man) sprzed około 9400 lat jest innym słynnym starożytnym Amerykaninem, tym razem znad Wielkiego Jeziora Słonego (rysunek 7.1). Różnił się także od ludzi nam współczesnych, łącznie z rdzennymi Amerykanami; wyjątkowo w jego przypadku ciało zostało zmumifikowane i czarne włosy były przez chwilę widoczne, dopóki nie spłowiały na czerwono pod wpływem światła. Najbliższe sugerowane dla niego grupy źródłowe to Ajnowie, Polinezyjczycy i Australijczycy. Trzej inni nietypowi Paleoindianie z północnych stanów to kobieta z Pelican Rapids lub kobieta z Minnesoty (7800 lat temu, znaleziona w 1938 roku), człowiek z Browns Valley (także z Minnesoty sprzed 8900 lat) i kobieta z Buhl z Idaho (sprzed 10 800 lat). Powinniśmy jednakże pamiętać, że nie wszyscy Paleoindianie z Ameryki Północnej z tego

okresu różnili się od nowoczesnych rdzennych Amerykanów. Człowiek z Wizards Beach sprzed 9200–9500 lat naprawdę przypomina nowożytnych rdzennych Amerykanów[373].

Ameryka Południowa ma własne roszczenia dotyczące skrajnie dawnych dat kolonizacji i najwyraźniej nie zamierza siedzieć cicho w sprawie „niezwykłych" paleoprzodków. Choć są oni znani od pewnego czasu, te szkielety przypominające o przeszłości południa dopiero całkiem niedawno ściągnęły na siebie publiczną uwagę. Jak w przypadku człowieka z Kennewick, nastąpiło to za sprawą medialnych spekulacji nad raczej wątpliwą interpretacją interesującego odkrycia. W sierpniu 1999 roku dział dokumentalny BBC ogłosił, że brazylijski badacz ewolucji gatunku ludzkiego Walter Neves analizował szczątki tak zwanych ludzi negroidalnych z wymarłego szczepu w Ameryce Południowej. Chlubą była czaszka dwudziestodwuletniej kobiety urodzonej ponad 11 500 lat temu, której nadano imię Luzia. Z początku odrzucona i przekazana Muzeum Narodowemu Brazylii przez francuskiego archeologa kopiącego w Minas Gerais w Brazylii w latach siedemdziesiątych XX wieku, miała rysy sugerujące australijskie, melanezyjskie lub nawet afrykańskie pochodzenie. W 1999 roku specjalista odtwarzający ludzkie wizerunki na potrzeby kryminalistyki Richard Naeve z Uniwersytetu w Manchesterze zrekonstruował Luzię i przyoblekł w ciało[374]. Odrodzona wyglądała na... No, na pewno nie na obecną rdzenną Amerykankę. Osądźcie sami – wszak każdy uważa się za urodzonego eksperta od takiego rozpoznawania. Może na Negroidkę, Australijkę, Melanezyjkę czy kobietę Liujiang? Według mnie przypomina jedną z liczących 3000 lat wielkich rzeźbionych głów Olmeków z Ameryki Środkowej.

Czy Luzia jest znaczącym ogniwem łączącym z nieznaną przeszłością, czy pojedynczą osobniczką tego rodzaju? Ludzkie wariacje są tak różne, że jedna jaskółka wiosny nie czyni. Potrzeba ich więcej. Badanie kilku czaszek z dłuższego okresu z Serra da Capivara na północnym wschodzie Brazylii przekonało Nevesa, że około 9000 lat temu nastąpiła zmiana kształtu czaszek z mocnych okrągłogłowych na bardziej mongoloidalne i bardziej współczesne.

Spekulował na temat wcześniejszych, toporniejszych niemongoidalnych typów, podobnych do tych, które opisałem w rozdziale 5 i 6 jako pozostałości po wędrówce przeszukiwaczy plaż. Przeszukiwacze plaż reprezentowali przynajmniej fizycznie zmienione typy pozaafrykańskie. Australijczycy, Melanezyjczycy, Ajnowie i Polinezyjczycy (a nawet Europejczycy) są raczej bliżsi oryginalnych przeszukiwaczy plaż niż ludów mongoloidalnych z Azji Wschodniej i Ameryki (zob. rozdziały 4 i 5). Zatem jeżeli istnieje prawdopodobieństwo, że te niemongoloidalne typy sformowały część migracji do Ameryki, należy wykonać stosowne porównanie. Jednakże lepszymi przedstawicielami azjatyckich przeszukiwaczy plaż sprzed ponad 12 000 lat są raczej mocne, okrągłogłowe czaszki z Azji Wschodniej znalezione w Chinach niż dzisiejsze skażone domieszkami grupy reliktowe. Neves rzeczywiście znalazł element łączący Paleoindian z paleolitycznymi czaszkami z północnych Chin, jak również z ludami południowego Pacyfiku[60].

Inaczej niż twórcy dokumentalnego filmu *Tracking the First Americans* (*Śladami pierwszych Amerykanów*), Neves nie faworyzował teorii, że ludzie w typie Luzii przypłynęli do Ameryki Południowej przez Pacyfik z Australii. Według niego ten typ z potężnymi głowami najprawdopodobniej dotarł tą samą drogą co wszyscy pozostali – albo przez Beringię, albo wzdłuż wybrzeża. Wyczuwał również, że zostali oni zastąpieni lub wymieceni przez późniejszy napływ typów mongoloidalnych, które przybyły w oddzielnych migracjach.

Czy we współczesnych amerykańskich populacjach można się doszukać jakichś pozostałości owych przeszukiwaczy plaż? Tak, było to możliwe do bardzo niedawna. Pierwsi europejscy eksploratorzy, którzy dotarli do południowego czubka Ameryk, zauważyli liczne ognie płonące na lądzie, stąd temu regionowi nadali nazwę Ziemi Ognistej (Tierra del Fuego). Ludzie, którzy podtrzymywali płonące ognie, aby ogrzać się w przenikliwym zimnym wietrze, byli myśliwymi i zbieraczami całkowicie odmiennymi pod względem biologicznym i kulturalnym od swoich sąsiadów i od wszystkich innych grup rdzennych Amerykanów.

W labiryncie skierowanych na południowy zachód dróg wodnych wokół przylądka Horn mieszkali tak zwani Indianie canoe. Nieco dalej na północ żyli tak zwani piesi Indianie. Do nich zaliczali się Tehuelcze z Patagonii i ludy Selknam (Ona) z północno-wschodniej Ziemi Ognistej, rośli, barczyści łowcy-zbieracze, których ogniska obozowe widział Ferdynand Magellan i jego załoga, gdy płynęli przez przejście dziś zwane Cieśniną Magellana. Wiele czaszek tych ludzi znajduje się w muzeach – europejscy ranczerzy, którzy stopniowo zajmowali te ziemie, płacili premie za głowy Indian Selknam i Tehuelczów, tubylcze ludy zaś zdegradowano do roli poganiaczy bydła po zamianie „wolnych ziem *guanaco*" w farmy produkcji owiec. Być może tylko resztki potomków tych szczepów przeżyły do dzisiaj.

Pracująca w Cambridge brazylijska lekarka antropolożka Marta Lahr włączyła grupę historycznych czaszek (dwadzieścia dziewięć, w tym Indian Selknam i Tehuelczów) do swego klasycznego studium na temat ludzkich odmian czaszkowych[375]. Ta grupa miała kilka cech wspólnych z Australijczykami, szczególnie stopień krzepkości i toporności. Jednakże poza tym nie mieli wiele wspólnego z morfologią australijskich czaszek (na przykład z wymiarami). Były one bowiem znacznie większe, wykazując prawdopodobnie zwykłe zachowanie cech plejstoceńskich lub nawet z wcześniejszych okresów. Lahr twierdziła, że ci łowcy-zbieracze byli niepodobni do rdzennych Amerykanów ani wschodnich Azjatów i bardziej przypominali Azjatów południowych i wyspiarzy z południowego Pacyfiku. Sądziła, że te różnice między Indianami najprawdopodobniej wskazują, że do Ameryki trafiły oddzielne imigracje.

Ostatnio Walter Neves z Uniwersytetu São Paulo oraz Joseph Powell z Uniwersytetu Nowego Meksyku, dwaj najlepsi specjaliści w tej dziedzinie, połączyli siły, by za pomocą analizy porównawczej sprawdzić, czy miałoby sens gromadzenie dowodów pokazujących, że Paleoindianie różnili się od współczesnych rdzennych Amerykanów i byli od nich bardziej zróżnicowani w obrębie swej grupy[376]. Ich odkrycia potwierdzają, że jeśli było wiele migracji (alternatywą byłoby lokalne różnicowanie), Paleoindianie pozostaliby raczej

niezróżnicowanym indo-pacyficznym typem przeszukiwaczy plaż, współcześni rdzenni Amerykanie są zaś raczej północno-wschodnimi Azjatami, jednak z pewnym powinowactwem europejskim. Ponadto, twierdzili, północnoamerykańscy Paleoindianie różnili się od południowoamerykańskich; pierwsi silnie przypominali Polinezyjczyków, a drudzy Australijczyków. Badacze nie uznali tego za dowód bezpośredniej migracji przez południowy Pacyfik. Zamiast tego, jak Lahr, dowodzili, że zarówno Australijczycy, jak i Paleoindianie pochodzili od wspólnych przodków z głównego kontynentu azjatyckiego.

Taki obraz wielokrotnych, oddzielnych morfologicznych afiliacji pomiędzy różnymi grupami Amerykanów (starożytnych i żyjących współcześnie) i różnymi typami azjatycko-oceanicznymi odpowiada przynajmniej dwóm, być może trzem lub większej liczbie oddzielnych migracji z różnych regionów Azji, z typem mongoloidalnym, który ostatecznie rozszerzył się gwałtownie, zastępując wcześniejsze typy paleoindiańskie[377]. Możemy bez wątpienia dopasować to do potwierdzonej dowodami genetycznymi tezy o Beringii jako ojczyźnie działającej na zasadzie punktu etapowego dla wewnętrznych migracji różnych ludów z różnych części Azji Wschodniej.

Czy te różne, sugerowane przez antropologów, geograficzne źródła pierwszych Amerykanów są zgodne z tymi, na które wskazują badania genetyczne? Historie opowiedziane przez mtDNA i chromosom Y powinny mieć większą moc odpowiadania na takie pytania. Możemy teraz przyjrzeć się wszystkim amerykańskim liniom założycielskim z punktu widzenia ich indywidualnego genetycznego pochodzenia azjatyckiego omawianego w rozdziale 6.

DWA CZY TRZY AZJATYCKIE ŹRÓDŁA?

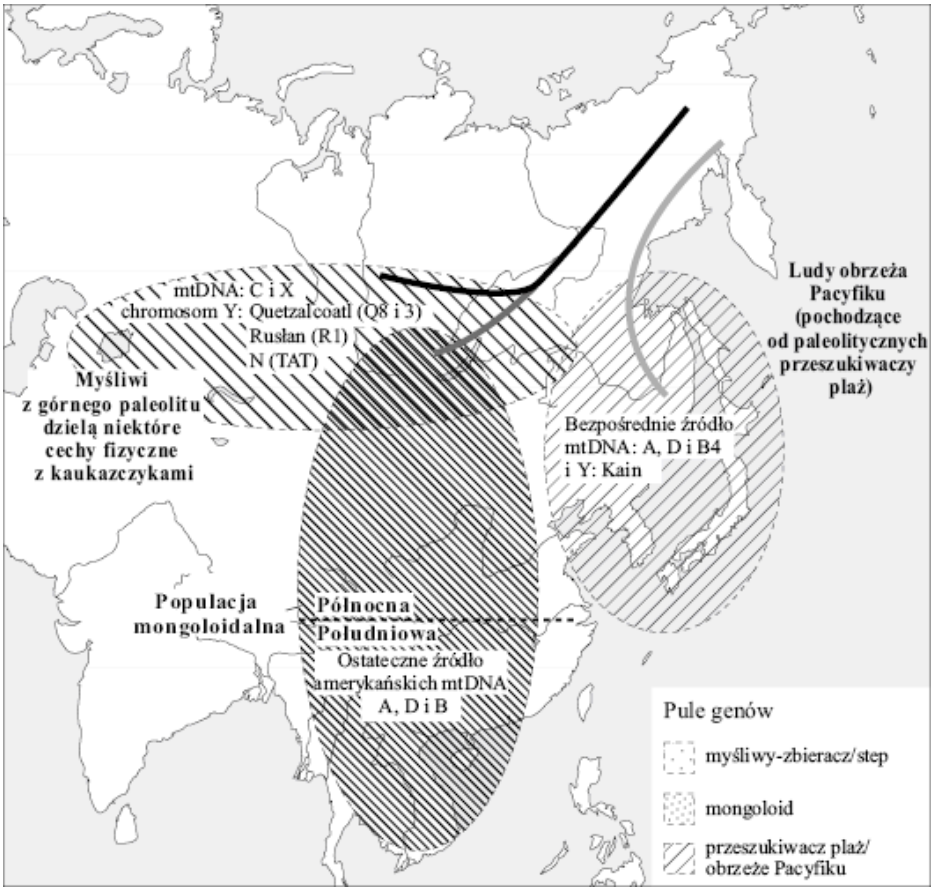
W poprzednim rozdziale opowiedziałem historię Wielkiego Mrozu, który wygnał Azjatów na wschód, południowy wschód i północny wschód z coraz bardziej niegościnnego mamuciego stepu

w wyżynnej krainie Azji Środkowej na północ od Himalajów. Sugerowałem także istnienie przynajmniej trzech różnych grup ludzi w Azji Wschodniej mających różne geny i technologie. Pierwszą, już osiadłą na wschodnim wybrzeżu Azji, szczególnie w Japonii, stanowili potomkowie starych przeszukiwaczy plaż. Drugą mogli być mongoloidzi: południowi w Azji Południowo-Wschodniej, północni na północ od Jangcy i najprawdopodobniej także na Wyżynie Tybetańskiej. Wreszcie, prawdopodobnie żyli tam również północni Eurazjaci nadciągający z Ałtaju Rosyjskiego i mający wspólne geny z północnymi i wschodnimi Europejczykami. Odpowiednio istniały przynajmniej trzy potencjalne, geograficznie różne źródła migracji do Ameryki (rysunek 7.6). W Azji Środkowej znajdowały się dwa takie potencjalne regiony źródłowe. Przed okresem zlodowacenia szeroko się na siebie nakładały, lecz z grubsza możemy brać pod uwagę Wyżynę Tybetańską na południu, a na północy Ałtaj Rosyjski z południową częścią syberyjskiego stepu. Istniały zatem dwie genetycznie, kulturalnie i fizycznie różne grupy: polujący na mamuty zachodni Eurazjaci z górnego paleolitu na północnym zachodzie i produkujący mikroostrza, dopiero raczkujący mongoloidzi na południu. Jak wspomniałem w rozdziale 6, pierwsi najprawdopodobniej przeszli na wschód w dół rzeki Udy do Morza Ochockiego i w dół Amuru na Sachalin i dalej na północ Japonii. Drudzy mogli ruszyć w dół dwóch wielkich rzek chińskich: Jangcy i Żółtej Rzeki, w stronę wybrzeża.

Te trzy eurazjatyckie ludy z różnymi fizjonomiami, oddzielnymi kompletami znaczników genetycznych i kamiennych narzędzi przenikały i ograniczały swoje terytoria przed maksimum zlodowacenia w stosunkowo umiarkowanym regionie wybrzeża, rozciągniętym od Japonii i Korei na północny wschód do Morza Ochockiego. Wszyscy byli kandydatami do przejścia do Beringii i dalej do Ameryki, nim zatrzasnęły się lodowe wrota. Powstaje pytanie, czy ślad genetyczny potwierdza tę kolejność. Zajmiemy się historią linii męskiej, ponieważ jest stosunkowo jasno nakreślona.

CZYŻBY PÓŁNOCNE EURAZJATYCKIE ŹRÓDŁO AMERYKAŃSKICH MĘŻCZYZN?

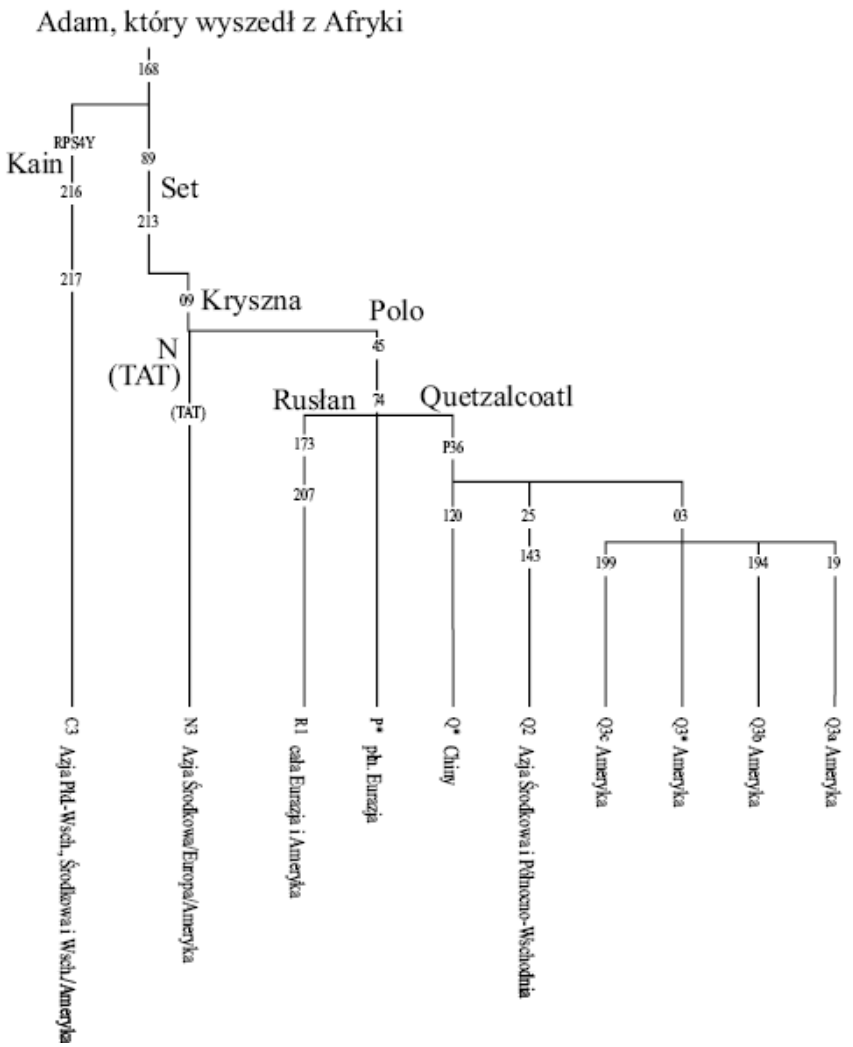
Czy historia chromosomu Y potwierdza regionalną genetyczną różnorodność pochodzenia? Odpowiedź brzmi: i tak, i nie. Nie, ponieważ gdy bierzemy pod uwagę chromosom Y, jedna linia dominuje u wszystkich Amerykanów. Tak, ponieważ gdy przyjrzymy się uważniej, zauważymy, że geograficzne pochodzenie tej linii wprowadza do równoległego obrazu mtDNA silny element azjatyckiej regionalnej różnorodności, w ten sposób potwierdzając hipotezę wielu źródeł (rysunek 7.6). Co więcej, istnieje kilku dziwacznych intruzów. Najbardziej uderzającym aspektem linii męskiej w Ameryce jest fakt, że u 90% wszystkich współczesnych rdzennych Amerykanów chromosomy Y pochodzą z jednej północnoeurazjatyckiej linii Polo (rysunek 7.7), której pełna gałąź obejmuje równocześnie 50% Europejczyków i ma przedstawicieli wśród szczepów rozsianych na Syberii, ale jest praktycznie nieobecna w Azji Wschodniej i gdzie indziej[378].



Rysunek 7.6. Możliwe azjatyckie źródła amerykańskich linii założycielskich. Rysunek przedstawia raczej diagram Venna niż precyzyjne sytuowanie na mapie, taki sposób służy podkreśleniu ostatecznych genetycznych źródeł linii amerykańskich trzech nakładających się na siebie starożytnych grup etnicznych: oryginalnych przeszukiwaczy plaż z basenu Pacyfiku, mongoloidów i górnopaleolitycznych eurazjatyckich łowców-zbieraczy.

Zważywszy na przedział czasu, nie dziwi, że większość obecnych w Europie podtypów linii Polo różni się od podtypów amerykańskich. To rozróżnienie jest bliskie naszej obserwacji dotyczącej mitochondrialnej linii X; tu tak samo rozszczepienie nastąpiło dawno temu, może przed 25 000 lat, i dwie oddzielne linie, idąc własną drogą, w miarę upływu czasu generowały coraz więcej różnic. Sytuacja nie jest dokładnie taka sama jak w przypadku linii X, gdyż Polo, nadal powszechna w Azji Północnej, była główną amerykańską linią założycielską i jest także znajdowana w Europie. Te odkrycia potwierdzają tezę o wspólnym pochodzeniu europejskich

i amerykańskich członków tej linii gdzieś z Azji Północnej lub Środkowej i północnym szlaku przejścia do Ameryki. Patrząc na rozmieszczenie szczepów na Syberii, rosyjska genetyczka Tatiana Karafet wraz ze współpracownikami zaproponowała, aby uznać region Bajkału za ojczyznę amerykańskich migracji tego znacznika (choć oczywiście duża częstotliwość jego występowania nie jest wyznacznikiem miejsca pochodzenia, rysunek 7.6). Związki europejsko-amerykańskie na tym się nie kończą. Dominującą podgrupą Polo jest linia Rusłana, obejmująca 30% Europejczyków i znajdowana także wśród rdzennych Amerykanów (wśród nich ma wynoszący 12% udział, zbyt duży, by wyjaśnić to domieszką europejską z ostatnich czasów). Bazowy typ linii Rusłana trwa również w Azji Północnej, więc być może tam jest źródło amerykańskiej linii założycielskiej Rusłana[379].



Rysunek 7.7. Drzewo amerykańskiego chromosomu Y. Podczas gdy główna masa chromosomów Y rdzennych Amerykanów pochodzi od Quetzalcoatla, syna Polo, reprezentowane jest również inne, rozproszone potomstwo Seta.
W przeciwieństwie do obrazu mtDNA pojedyncza linia założycielska Kaina jest jedynym męskim śladem pochodzenia z dalszego południa lub wschodu Azji.

W Ameryce daleko powszechniejsza niż Rusłan jest odrastająca bezpośrednio od korzenia Polo linia Q, której nadałem imię mitycznego Pierzastego Węża Quetzalcoatla. Quetzalcoatl z synami to 64% amerykańskich chromosomów Y, unikatowych, charakterystycznych tylko dla rdzennych Amerykanów. Jedynymi znanymi wyjątkami, które dotąd odkryto, są trzej syberyjscy Inuici i po jednym osobniku z sąsiadujących grup syberyjskich: Czukczów,

plemienia Ewenów (izolowanej grupy z dalszej południowej części syberyjskiego wybrzeża Pacyfiku), Mandżurów i Uzbeków z Azji Środkowej. U wszystkich tych wyjątków występuje specjalny amerykański chromosom Y typu Quetzalcoatl. Ponieważ Quetzalcoatla znajdujemy w grupach na-dene i eskimo-aleuckiej, jest bardzo możliwe, że ten amerykański znacznik wyrósł bardzo wcześnie, być może nawet przed wkroczeniem do Ameryki Północnej pierwszych kolonistów założycieli i przed ostatnim zlodowaceniem. Innymi słowy, Quetzalcoatl oznacza prawdziwą linię założycielską, a nie pierwsze pokolenie pochodne. Taki pogląd jest wsparty datowaniem znacznika Quetzalcoatla w Ameryce, którego wiek szacuje się na 22 000 lat[380].

Inną północną eurazjatycką linią Y bardzo rzadko znajdowaną u rdzennych Amerykanów jest typ TAT. Choć może to być postkolumbijska europejska domieszka, północnoamerykańskie źródło pozostaje wciąż statystycznie bardziej prawdopodobne[381].

Może się wydawać, że ta przytłaczająca dominacja północnoeurazjatyckich linii Y w Ameryce wskazuje pojedyncze, południowosyberyjskie źródło rdzennych Amerykanów i eliminuje z gry wielokrotne migracje. Powinniśmy jednak pamiętać, że chromosom Y jest o wiele bardziej podatny na dryf niż mtDNA. Innymi słowy, można powiedzieć, że w tradycyjnych społeczeństwach niewielu mężczyzn dąży do posiadania wielu dzieci, podczas gdy kobiety chcą ich mieć mniej więcej tyle samo. Najprawdopodobniej z powodu tego wzmocnionego efektu dryfu amerykańskie typy linii Y są tak niesymetryczne.

Pozostała jednakże amerykańska linia założycielska pochodząca raczej z dalszego wschodu niż południa Syberii i raczej od przeszukiwaczy plaż niż myśliwych z Azji Środkowej. To linia przeszukiwaczy plaż Kaina, która rozprzestrzeniła się na wybrzeże indyjskie Pacyfiku tuż po wyjściu z Afryki i jest identyfikowana przez dodatkową mutację M217. Podczas gdy linia Kaina jest obecna w całej Azji Północnej i Wschodniej, z największą częstotliwością jest znajdowana na wybrzeżu Pacyfiku, w Mandżurii i u wybrzeży Morza Ochockiego, wokół dolnego biegu Amuru. W dół, w stronę Azji

Południowo-Wschodniej jej częstotliwość wynosi 10% (rysunek 4.5). Kain ze swą historią przeszukiwacza plaż mógłby być typem Y pasującym do znacznika B mtDNA dzięki swemu południowoazjatyckiemu pochodzeniu (zob. niżej)[382].

LINIE ŻEŃSKIE Z INNYCH CZĘŚCI AZJI

Geograficzny rodowód amerykańskich żeńskich linii założycielskich jest bardziej zróżnicowany niż linii męskich, szczególnie pod względem grupy B mtDNA, pochodzącej z Azji Południowo-Wschodniej i nieobecnej w regionach Azji Północnej, głównych źródłach amerykańskiego Y. To rozciągnięcie geograficznych źródeł migracji potwierdza pogląd, że było kilka założycielskich źródeł Nowego Świata.

W poprzednim rozdziale pokazałem na mapie rozkład w Azji pięciu amerykańskich żeńskich genetycznych linii założycielskich. Grupę C znajdujemy w Azji na północ od Himalajów, A jest znacznie powszechniejsza na północnym wschodzie Azji niż dalej na południu, więc szukając źródeł zasiedlenia Ameryki przez te dwie linie, powinniśmy spoglądać na północ od Himalajów. Grupa C rozpościera się szeroko w tym regionie, od Tybetu na południu niemal aż po Ural na zachodzie, gdzie z największą częstotliwością występuje wśród Selkupów, myśliwych i rybaków mieszkających nad dolnym Jenisejem za kręgiem polarnym. Na azjatyckim wybrzeżu Pacyfiku i dalej na południe C występuje ze znacznie mniejszą częstotliwością. Jak wyjaśniłem w rozdziale 6, efektem ostatniego zlodowacenia mogło być powstawanie wąskich gardeł i reekspansji, sama częstotliwość występowania genów może więc nie wystarczać do określenia dokładnego położenia miejsc, z których się wywodzą. Jednakże, skoro jedynymi obszarami w Azji Środkowej na pewno zamieszkanymi przez cały okres ostatniego zlodowacenia były tereny nad Bajkałem i górnym Jenisejem na południu Syberii, wydaje się prawdopodobne, że ten region należy uznać za ojczyznę amerykańskiej grupy C (rysunek 7.6)[383]. Z drugiej strony grupa A,

pochodząca ostatecznie z południowych Chin, prawdopodobnie z terenu od Jangcy po Wyżynę Tybetańską, jest rzadkością w Azji Środkowej i Północnej, z wyjątkiem północnych skrajów Syberii, gdzie jest typem dominującym. Ponieważ ta część Syberii była także częścią Beringii i jest najbliższa Ameryki Północnej, a to właśnie A reekspandowała w Beringii po maksimum zlodowacenia, północno-wschodnia Syberia wydaje się najbardziej prawdopodobnym bezpośrednim źródłem amerykańskiej grupy A. Jak widzieliśmy w rozdziale 5, ostatecznym miejscem pochodzenia C były prawdopodobnie Indie i Pakistan (wędrówka przez zachodni kraniec Himalajów). Grupa C jest kluczowym kandydatem na wschodni, żeński znacznik ludów górnego paleolitu rozciągniętych od Francji po Mandżurię w okresie przed ostatnim zlodowaceniem. Ci myśliwi mogli przekazać swoje przedlodowcowe umiejętności łowów na grubą zwierzynę myśliwskim kulturom Clovis w Ameryce Północnej, które rozwinęły się w epoce polodowcowej.

Amerykańska linia X, podobnie jak C, również ma raczej północne eurazjatyckie pochodzenie (rozdział 5), lecz z powodu wielkiej przestrzeni między Europą i Ameryką, gdzie jest nieobecna, rzeczywista identyfikacja miejsca, skąd mogło nastąpić zasiedlenie Ameryk, pozostaje zagadką. Linia X została ostatnio jednoznacznie zidentyfikowana w Azji Północnej wśród ludów ałtajskich z południowej Syberii, co sugeruje możliwy kraj pochodzenia (rysunek 7.6). Liczący 30 000 lat stary związek z Europą silnie sugeruje przejście X przez azjatycki step z myśliwymi z górnego paleolitu, jako rzadkiej kaukaskiej składowej zaludniania Ameryk, która następnie wyginęła w Azji. Grupa D to kolejna z pięciu amerykańskich żeńskich linii założycielskich, do dziś powszechna w północno-wschodniej Azji. Z drugiej strony przodkowie linii D mogli przybyć do Azji Północnej z Azji Południowo-Wschodniej z terenów na południe od Himalajów. Jej obecny rozkład w całości wzdłuż wschodnioazjatyckiego wybrzeża Pacyfiku, począwszy od południowych Chin, sugeruje drogę na północ głównie wzdłuż wybrzeża[384].

W przeciwieństwie do tych czterech linii żeńskich, dzisiaj cechujących się raczej północnym rozkładem, żeńska linia B ma swoje miejsce pochodzenia i zamieszkiwania wyraźnie na południu. Grupa B dominuje w Indochinach, w Azji Południowo-Wschodniej i na Pacyfiku, mając bardzo odmienny od linii północnych rozkład światowy. Choć B znajdujemy w Japonii, w Chinach i w Mongolii, nie ma jej w regionach subarktycznych ani w Eurazji, ani w północnej Ameryce. Daje to solidne podstawy do uznania, że źródłowa populacja amerykańskiej grupy B jest bardzo różna od C i X.

Pochodzenie B podlega dalszym ograniczeniom. W Azji B jest reprezentowana przez dwie główne gałęzie, B4 i B5, występujące w większości regionów obok siebie, z wyjątkiem obu Ameryk i południowego Pacyfiku, gdzie znajdujemy tylko B4. B4 jest jedyną gałęzią, która dotarła do Ameryki i dominuje na południowym Pacyfiku. Gałąź B4 w Azji Wschodniej jest olbrzymia, zróżnicowana i tak szeroko rozprzestrzeniona, że wyszukiwanie dokładnego amerykańskiego typu założycielskiego przypominałoby szukanie igły w stogu siana. Przez przypadek natomiast odkryto bliskie dopasowanie w dwóch niedawnych, niezależnych badaniach kompletnego sekwencjonowania mtDNA, przeprowadzonych przez genetyków japońskich oraz grupę szwedzko-niemiecką. Ta pracochłonna metoda, coś na wzór Projektu Poznania Ludzkiego Genomu, tylko na jednej nici DNA daje kompletne sekwencjonowanie całej kolistej cząsteczki mtDNA. Ten wynik jest najdokładniejszym i najbardziej specyficznym żeńskim genetycznym odciskiem palca. Dopasowanie, jakie znalazłem, porównując te dwie prace, mieściło się między grupą B4 Indian Piman i japońską grupą B4, co wskazuje na azjatyckie wybrzeże południowego Pacyfiku jako źródło przynajmniej jednego amerykańskiego typu B. Podobieństwa są duże, choć jak się można było spodziewać, nie bliźniaczo identyczne. Wykluczają one resztę dalekich gałęzi azjatyckiej B4 i rzeczywiście pokazują powiązania między Japonią i Ameryką (rysunek 7.7)[385].

TĘCZOWA KOALICJA

Argumenty oparte na odkrywaniu poszczególnych prawie dokładnych dopasowań nie mogą precyzyjnie zidentyfikować wielu różnych azjatyckich ojczyzn pięciu amerykańskich linii założycielskich ani o krok dalej niż poszukiwanie regionu takiego jak Mongolia z zadomowionymi liniami A, B, C i D w celu zidentyfikowania ojczyzny jednej z nich. Daje nam to jednak szersze spojrzenie na zdarzenia, które mogły prowadzić do zaludnienia Ameryk, i potencjalnie różne źródła tej kolonizacji. W rozdziale 6 widzieliśmy, że archeologia azjatyckiego wybrzeża Pacyfiku odkrywa ślady nadejścia nowej górnopaleolitycznej technologii z zachodu, ze stepów Eurazji i prawdopodobnie kultur wytwarzających mikroostrza z Wyżyny Tybetańskiej w okresie ostatniego zlodowacenia. Może to równie dobrze reprezentować uciekinierów z populacji kultur kaukaskich na zachód, jak i ze źródeł mongoloidalnych dalej na południe. Przybywając na północny wschód Azji, do Korei i Japonii, mogli się znaleźć wśród starszych ludów wschodniego i południowo-wschodniego wybrzeża, potomków przeszukiwaczy plaż (reprezentowanych dziś przez Ajnów). A więc prawdopodobnie aż trzy różnie wyglądające grupy przesunęły się na północny wschód wzdłuż wybrzeża, żywiąc się bogactwami morza i zwierzyną. Ludzie, ich zróżnicowane kultury, geny i fizjonomie mogły ostatecznie dotrzeć do Beringii.

KAŻDY SOBIE RZEPKĘ SKROBIE

Jak mogły wyglądać społeczności Beringii w wigilię wkroczenia na Alaskę 20 000–25 000 lat temu? Czy tak jak w Dziewiątej Gwiezdnej Bazie z serialu *Star Trek* byli wielobarwnymi, polimorficznymi poliglotami? Innymi słowy, czy tworzyli całkowicie wymieszane społeczności? Nie sądzę. Beringia była olbrzymią krainą, bogatą w zasoby, gdzie znalazłoby się miejsce dla różnych kultur. Jest bardziej prawdopodobne, że niezależnie od nieuniknionego

mieszania oddzielne etnicznie grupy zachowały pewną kulturalną i genetyczną różnorodność.

Gdy potem ruszyły do Ameryki, rozpierzchły się i rozmnożyły, nie zachowywały się jak skonsolidowana wieloetniczna drużyna Narodów Zjednoczonych. Kultury, które wyrosły jak grzyby po deszczu, gdy nowi przybysze zapuścili korzenie w Nowym Świecie, zachowały swoje oddzielne, unikatowe fizyczne, genetyczne i kulturalne pierwiastki wyniesione z różnych azjatyckich ojczyzn. Czy ten obraz potwierdzają odkrycia archeologiczne? Myślę, że tak. Poszukiwanie artefaktów sprzed Clovis ukazało narzędzia z warstw leżących niżej również w miejscach wykopalisk bez kultury Clovis w Ameryce Północnej i Południowej, związanych z kompletnie różnymi tradycjami i mających różne odpowiedniki po stronie azjatyckiej. Właśnie tego mogliśmy się spodziewać po kilku równoległych kolonizacjach dokonanych przez różne kultury.

Można by oczekiwać zróżnicowanego wyglądu fizycznego wczesnych amerykańskich społeczności, spowodowanego różnicami genetycznymi pomiędzy nimi. Jak zauważyli Torroni i Wallace (zob. powyżej), takie różnice są wyraźną tendencją plemiennego różnicowania podtypów mtDNA, a jednak jednym z argumentów za pojedynczą kolonizacją obu Ameryk od zawsze jest obecność głównych grup A, B, C i D w Ameryce Północnej, Środkowej i Południowej. Jednakże Ameryki są wielkie i widać wyraźne różnice względnych częstotliwości występowania pięciu linii założycielskich wśród różnych ludów amerykańskich.

Obecne grupowania etniczne są rozróżnialne dzięki szczególnym plemiennie specyficznym typom mtDNA. Poza kilkoma wyjątkami występuje jedynie niewielkie współdzielenie przez grupy etniczne indywidualnych typów mtDNA. Według przyjętej interpretacji oznacza to, że pojedyncza fala założycielska szybko rozszczepiała się na grupy, które pozostawały oddzielne i dryfowały do różnych częstotliwości założycieli. Dowody równie dobrze pasują do alternatywnego obrazu pierwszej fali kolonizacji zawierającej liczne nierównomiernie rozłożone pasma genetyczne, które możemy śledzić wstecz przez Beringię do różnych azjatyckich źródeł. Widzieliśmy już najbardziej ekstremalne przypadki w regionie

subarktycznym, gdzie u mówiących językiem na-dene mieszkańców Alaski i północno-zachodniego wybrzeża występowały jedynie typy żeńskiej amerykańskiej grupy A2. Jak wspomniałem, uważa się, że przyczyną występowania wśród grup na-dene i eskimo-aleuckiej jedynie pojedynczej amerykańskiej linii A2 jest niemal całkowite wyginięcie ich przodków powodujące dryf w stronę pojedynczej linii[386].

Ta ekstremalna przewaga grupy A rozciąga się na całą Amerykę na północ od 50 równoleżnika, obejmując nie tylko grupy na-den i eskimo-aleucką, lecz także Amerindian, mówiących językiem algonkińskim północnych Odżibwejów z Kanady i znad Wielkich Jezior. Ich grupę A charakteryzują trzy unikatowe typy niewystępujące nigdzie więcej. Ponadto Odżibwejowie mają największy udział rzadkiego typu X na poziomie 25% (rysunek 7.3) i tylko u nich występuje jeden dominujący założycielski typ Y, a nie jego powszechniejsze pochodne. Choć mówią językiem amerindiańskim, zamieszkują region subarktyczny, nawet dzieląc niektóre północne cechy kulturalne z grupami posługującymi się językiem na-dene. Do ich unikatowego, lecz stosunkowo zróżnicowanego genetycznie zbioru cech należy częste występowanie prawdziwych linii założycielskich. Sugeruje to, że Odżibwejowie i spokrewnione z nimi grupy są społecznością, która miast niemal wyginąć w epoce lodowcowej, jak to się zdarzyło z grupami językowymi na-dene, mogła przez swoją północną izolację zachować szczególną genetyczną odrębność wywodzącą się z ich miejsca pochodzenia w Beringii i dalej z północno-wschodniej Azji[387].

Dwaj rdzenni Amerykanie, którzy dobrowolnie przekazali próbki podczas realizacji filmu *Prawdziwa Ewa* (*The Real Eve*), pochodzili z regionu Wielkich Jezior. Za sprawą niezwykłego zbiegu okoliczności obaj mieli unikatowe, rzadko spotykane typy lokalne. Z kolei Odżibwejowie mieli rzadki typ A1, podczas gdy inny uczestnik badań, Indianin Kri (Kri również mówią językiem z grupy algonkińskiej) miał typ X, który przedtem znajdowano jedynie wśród północnych Odżibwejów[388].

Ogólny rozkład żeńskich linii założycielskich grupy A pokazuje jasno spadek występowania od niemal 100% w subarktycznym rejonie Ameryki Północnej do ogólnie niewielkich częstotliwości w Ameryce Południowej. Dokładniejszy rozkład A w pozostałej części Ameryki Północnej to mapa wielkich rozbieżności, od zera do wysokiej częstotliwości. Kilka badań starożytnego DNA w Amerykach ujawniło ludy zupełnie pozbawione grupy A, co sugeruje, że w dawnym obrazie różnice były jeszcze większe. Przykładem z północy są kultury Fremont znad Wielkiego Jeziora Słonego, a z południa niemal wymarłe szczepy mieszkańców Ziemi Ognistej z samego krańca Ameryki Południowej (omówione wcześniej), u których odnotowano jedynie grupy C i D[389].

Rozkład X prezentuje, jak widzieliśmy, spotęgowanie obrazu występowania A u Amerindian, gdyż X jest ograniczona do dwóch grup etnicznych na dalekiej północy Ameryki Północnej. Grupa D zaś występuje jedynie z niewielką częstotliwością w Ameryce Północnej, a z wielką w Ameryce Południowej, szczególnie w regionach równikowych.

W sumie regionalna zmienność częstotliwości pięciu linii założycielskich w całej Ameryce jest wsparciem dla tezy o oddzielnych etnicznych pasmach oryginalnej kolonizacji (choć istnieją również inne wyjaśnienia).

DROGA DO AMERYKI WZDŁUŻ ZACHODNIEGO WYBRZEŻA?

Na koniec zostawiłem rozkład B, najbardziej interesującej grupy mtDNA. Jak już widzieliśmy, grupa B występuje w Ameryce Północnej, Środkowej i Południowej, lecz nie na północ od 55 równoleżnika. Ten dziwny południowy rozkład był zawsze podawany jako dowód, że B przybyła do Ameryk razem z innymi liniami przed okresem zlodowacenia. Choć zgadzam się z tymi argumentami, nadal pozostaje pytanie o dokładny wiek grupy B. Torroni odkrył, że B jest znacząco młodsza od A, C lub D; w powtórnej analizie Forstera pozostaje najmłodszą grupą w Ameryce Środkowej. Jest starsza

w Ameryce Południowej, gdzie jej częstotliwość jest bardzo zmienna, waha się od zera do ponad 70%. Te rozbieżności wieku i rozkładu mogą być po prostu efektem nieodpowiedniego próbkowania, wąskich gardeł lub dryfu, lecz istnieje kilka innych intrygujących możliwości. Na przykład grupa B4 jest bardzo powszechna i zróżnicowana w Azji Wschodniej. Nie można zatem uznać więcej niż jednej kolonizacji B4 w różnym czasie przez spokrewnione gałęzie w zapisie genetycznym Ameryki bez dokonania dokładniejszego sekwencjonowania[390].

Alternatywnie B4 może rzeczywiście świadczyć o oddzielnym, *last-minute* wejściu do Ameryk po przybyciu A, C, D i X. To właśnie sugeruje rosyjska genetyczka Jelena Stariowskaja. Według niej, poza młodszym wiekiem przemawia za tym fakt, że grupa B występuje z wielką częstotliwością w Ameryce Środkowej i w regionach, gdzie są znajdowane narzędzia kultury Clovis, a nie ma jej w dalekiej Ameryce Południowej. Grupy B nie ma wśród mówiących językiem na-dene mieszkańców zachodniego wybrzeża subarktycznego (zob. wyżej), ale jest obecna dalej na południe wśród mówiących językami amerindiańskimi. Być może, aby wyjaśnić jej nieobecność w regionach subarktycznych i problem bariery lodowej, Stariowskaja sugeruje także, że B nadeszła oddzielnie wzdłuż zachodniego wybrzeża Ameryki Północnej. Skoro wiemy o istnieniu w Japonii przynajmniej jednego bliskiego odpowiednika B4 Indian Piman, dalsze badania sekwencjonujące mtDNA na próbkach z obu stron Pacyfiku mogłyby dać odpowiedź na te pytania (rysunek 7.5)[391].

Pomysł przeskoczenia trasą szybkiej migracji z Beringii wzdłuż zachodniego wybrzeża Ameryk ma swoich zwolenników i ponownie staje się modny. Po raz pierwszy zgłoszony przez Knuta Fladmarka z Uniwersytetu Simona Frasera z Kolumbii Brytyjskiej, jest atrakcyjnym wyjaśnieniem gwałtownej kolonizacji Ameryki Południowej. Problemem był tu zawsze brak dowodów. Większość plaż, którymi taka hipotetyczna migracja musiała przechodzić, znajduje się poniżej poziomu morza. Zmiana wysokości wód miała niewielki wpływ jedynie na wybrzeża kontynentu stromo spadające do wody. Ten warunek spełniają dwa miejsca w południowej części

wybrzeża Peru, Quebrada Jaquay i Quebrada Tacahuay. Kości upolowanych ptaków i fragmenty muszli morskich (małży i omułków), skorupiaki i sardele opowiadają nam o wymyślnym rybołówstwie i eksploatowaniu plaż przez ich przeszukiwaczy na wybrzeżu Ameryki Południowej dawniej niż 11 000 lat temu, w tym samym czasie, gdy myśliwi Clovis dzielnie próbowali wytępić całą północną zwierzynę. Na zachodnim wybrzeżu Ameryki Północnej wyłania się również dowód zarazem ludzkiego osiedlenia i przeszukiwania plaż[392].

Pewne dowody żywotności tego teraz zatopionego szlaku z okresu tuż po maksimum zlodowacenia pochodzą od innego wielkiego wszystkożernego ssaka, niedźwiedzia. Biolożka z Uniwersytetu Kalifornijskiego w Los Angeles Jennifer Leonard i Alan Cooper, pracujący w Oksfordzie nowozelandzki specjalista od starożytnego DNA, śledzą trasy mtDNA północnoamerykańskiego niedźwiedzia brunatnego współczesnego i starożytnego, aby się przekonać, co stało się z niedźwiedziami na Alasce i północno-zachodnim wybrzeżu podczas wielkiego zlodowacenia[393]. Ścisłe analogie między mtDNA niedźwiedzi brunatnych we wschodniej Eurazji i w USA sugerują, że ich eurazjatyckie linie dotarły na Alaskę przez przedlodowcowy korytarz przecinający Beringię. Wiadomo, że niedźwiedzie przetrwały w Beringii i na Wyspie Księcia Walii na południowy wschód od Alaski w czasie zlodowacenia, choć tak jak u ludzi ich różnorodność została zredukowana.

Przed szczytem zlodowacenia w południowej Kanadzie nie było w ogóle niedźwiedzi brunatnych, ale rozprzestrzeniły się tam 13 000 lat temu. Ich grupa mitochondrialna sugeruje, że przybyły lodowym korytarzem z Alaski lub przez reekspansję z Alaski po stopieniu lodów, ale z miejsc schronienia na wyspach zachodniego wybrzeża. Gdy zagrażało im wyginięcie, kilka niedźwiedzich klanów musiało przejść z Alaski w dół zachodniego wybrzeża, gdzie przetrwały po dziś dzień. Kluczem do sprawy jest fakt, że szczególny klan mtDNA obecnych niedźwiedzi brunatnych z Kanady i Gór Skalistych należy do linii, która istniała na Alasce przed 35 000–45 000 lat, a teraz zupełnie tam wyginęła. Innymi słowy, rozprzestrzeniły się

ze starożytnej populacji rezydentów Beringii. Ponieważ niedźwiedzie i ludzie wybrzeża byli wszystkożercami, których diety znacząco się pokrywały, historia tych zwierząt wskazuje trasę, którą mogli przejść ludzie 12 000–15 000 lat temu.

Ludzkie resztki i artefakty na Wyspie Księcia Walii datujemy na 9300 lat temu lub wcześniej. Jakieś 3200 kilometrów na południe Jon Erlandson wygrzebał z ziemi dowód przeszukiwania plaż 11 600 lat temu. Nastąpiło to w jaskini Daisy na wyspie San Miguel w archipelagu Channel Islands w południowej Kalifornii (rysunek 7.1). Oczywiście do pokonania 40 kilometrów dzielących wyspę od lądu stałego potrzebny był jakiś rodzaj jednostki pływającej. Radiowęglowe badania kobiecych kości znalezionych na pobliskiej wyspie Santa Rosa określiły wiek znaleziska na 13 000 lat[394].

Jak wcześnie nadmorski szlak został uwolniony od lodu i otwarty? Wydaje się, że 14 000 lat temu. Daryl Fedje z Zarządu Parków Kanady w Kolumbii Brytyjskiej i Heiner Josenhans ze Służby Geologicznej Kanady użyli sonaru wysokiej rozdzielczości do sporządzenia szczegółowej mapy dna oceanu w pobliżu północno-zachodniego wybrzeża Kanady[395]. Objęli badaniami teren wokół Wysp Królowej Charlotty, nieco na południe od Alaski. Ich mapa pokazuje nowy świat niegdysiejszych rzek meandrujących przez zalewowe równiny i starożytne jeziora. Jeszcze 14 000 lat temu równiny te były w całości wyniesione ponad poziom morza i wolne od lodów przez kilka tysięcy lat, to znaczy do czasu, gdy podnoszący się wciąż poziom morza zatopił je ponownie. Badacze, uzbrojeni w nową mapę zatopionego brzegu, ruszyli zbierać drewno z zalanych lasów. Wyciągnęli z dna oceanu pień sosny i inne kawałki drewna, których wiek metodą węgla radioaktywnego określono na 12 200 lat; znaleźli nawet pozostałości jadalnego skorupiaka z tego samego okresu. Z nieco młodszej plaży sprzed 10 000 lat z głębokości 60 metrów pod poziomem morza wydobyli kamienne narzędzie, najstarsze, jakie znaleziono na północno-zachodnim wybrzeżu Ameryki.

Po złożeniu tego wszystkiego razem wydaje się, że rzeczywiście dawniej niż 14 000 lat temu istniał wykorzystywany przez ludzi szlak

z Beringii i Alaski wzdłuż zachodniego wybrzeża Ameryki, omijający lodowe czapy. Mamy także dowód, że istniał on przynajmniej 10 000 lat temu. Ponadto dowód z zachodniego wybrzeża Ameryki Południowej pokazuje, że ci sami przeszukiwacze plaż przybrzeżnymi statkami mogli pokonywać tę trasę z Beringii już 11 000 lat temu.

Trasa zachodniego wybrzeża daje jedyne geograficzne wyjaśnienia późnego rozprzestrzenienia się grupy B, czego broni Jelena Stariowskaja. Amerykańska linia założycielska B4 rozprzestrzeniła się również, prawdopodobnie dzięki łodziom, na wyspy wschodniej Indonezji i daleko na południe na południowo-zachodni Pacyfik około 17 000 lat temu (zob. rozdział 6). Okrężna trasa wzdłuż wybrzeża nieoczekiwanie może także wykluczyć datowanie lodowych barier i lodowego korytarza jako nieistotne dla sprawy Clovis. Gdy odwiedziłem Knuta Fladmarka na Uniwersytecie Simona Frasera w Vancouverze, z zaskoczeniem dowiedziałem się, że był on jednym z zagorzałych zwolenników teorii pierwszeństwa Clovis, która teraz do pewnego stopnia została zmieciona przez dowód istnienia obejścia.

WYŁĄCZNIE PRZED CLOVIS

Czy możemy wmontować to w szerszy genetyczny obraz zaludnienia Ameryk? Myślę, że tak. Pomimo rozproszenia nielicznych dowodów sądzę, że teoria alternatywnego szlaku zachodniego wybrzeża jest godna rozważenia jako trasa kolonizacji równoległej, ale nie jedynej. Aby grupa B4 była obecna na zachodnim wybrzeżu Kanady 12 000–15 000 lat temu, wydaje mi się najbardziej prawdopodobne, że jej przodkowie – jak przodkowie niedźwiedzi brunatnych z zachodniego wybrzeża – byli wcześniej wraz z innymi liniami (A, C, D i X) mieszkańcami Beringii przed maksimum zlodowacenia. Alternatywne rozwiązanie, że B4 pospieszyła z Azji wzdłuż wybrzeża tuż po maksimum zlodowacenia, nie mogło być wykonalne z powodu potężnych barier do przebycia na wybrzeżu, takich jak aleuckie pole

lodowe między Azją Wschodnią i brzegiem Kolumbii Brytyjskiej w okresie zlodowacenia i bezpośrednio potem.

Nadal wybieram więc wkroczenie wszystkich przodków rdzennych Amerykanów do Beringii i Ameryk przed szczytem zlodowacenia i przed Clovis. Genetyczny obraz grup założycielskich A, B, C, D i X sugeruje równoległe wejścia pionierskich grup do Ameryk przed zlodowaceniem różnymi szlakami rozpoczynającymi się ostatecznie na północnoazjatyckim stepie i wschodnim wybrzeżu Azji. Mogli wyglądać różnie, jak Europejczycy, jak Ajnowie lub niektórzy wyspiarze Pacyfiku. Na tym etapie niektórzy, jak przodkowie człowieka z Wizards Beach, wyglądali jak północni mongoloidzi i ostatni rdzenni Amerykanie. Rozprzestrzenili się w Amerykach, być może gwałtowniej dzięki przeszukiwaniu przybrzeżnych plaż. Linia B4 (lub jedna szczególna linia B4) mogła dotrzeć bardzo wcześnie i przewędrować w dół do Ameryki Południowej, gdzie, w przeciwieństwie do swego stosunkowo młodego odpowiednika w Ameryce Północnej, jest teraz równie stara jak inne linie założycielskie. Potem nadeszła epoka zlodowacenia. Pozostali w Beringii, na północ od czap lodowych, znosili ekstremalne warunki i ostre mrozy, które przeżyli potomkowie grupy A, by pojawić się jako doskonali rybacy, przodkowie grup na-dene i eskimo-aleuckiej. Grupa B4 być może przeczekała epokę lodu na zachodnim wybrzeżu, by potem ponownie zasiedlić wnętrze kraju, na wzór niedźwiedzi brunatnych, lub nastąpiło być może świeże wejście grupy B z Azji trasą w grę i w dół wybrzeża basenu Pacyfiku. Jednakże, o ile wiemy, Ameryka i Alaska (pozostałości straconego kontynentu Beringii) nie doznały żadnego dalszego znaczącego dopływu genetycznego z Azji od czasu szczytu zlodowacenia aż do czasów Leifa Erikssona i zalewu ludzkiej fali, jaka napłynęła za Kolumbem po „odkryciu” Nowego Świata.

317 Jefferson T., *Query XI: A description of the Indians established in that State?*, w: *Notes on the State of Virginia*, red. William Peden, University of North Carolina Press, Chapel Hill, NC 1955; José de Acosta, *Historia Natural y Moral de las Indias*, Seville 1590.

318 Thomas D.H., *One archaeologist's perspective on the Monte Verde controversy*, w: *Monte Verde under fire*, „Archaeology" online, 18 października 1999 (www.archaeology.org).

319 Rose M., *The importance of Monte Verde*, w: *Monte Verde under fire*, „Archaeology" online, 18 października 1999 (www.archaeology.org); Deloria V. Jr, *Red Earth, White Lies: Native Americans and the Myth of Scientific Fact*, Scribner's, New York 1995.

320 Dłuższy przegląd odkryć wspomnianych w tym akapicie zob. Rose M., op. cit.

321 Haynes C.V., *Fluted projectile points: Their age and dispersion*, „Science" 1964, nr 145, s. 1404–1413; zob. także idem, *The earliest Americans*, „Science" 1969, nr 166, s. 709–715. Daty różnych wykopalisk ostrzy Clovis są to niekalibrowane daty węglowe; daty skalibrowane lub poprawione mogłyby być około 2000 lat starsze, tzn. równe 13 000 lat temu. Marshall E., *Pre-Clovis sites fight for acceptance*, „Science" 2001, nr 291, s. 1730–1732; Rutter N.W., *Late Pleistocene history of the Western Canadian ice-free corridor*, „Canadian Journal of Anthropology" 1980 1, s. 1–8.

322 Frison G.C., Walker D.N., *New World palaeo-ecology at the Last Glacial Maximum and the implications for New World prehistory*, w: C. Gamble, O. Soffer (red.), *The World at 18,000 bp*, t. 1, Unwin Hyman, London 1990, s. 312–330, tutaj s. 313–315. Nadal kontrowersyjne są wykopaliska: Pedra Furada w północno-wschodniej Brazylii, którego starożytny wiek wyznaczono na 35 000 lat, oraz Taima Taima w Wenezueli, szacowane na 15 350 lat.

323 Dillehay T., *Monte Verde, A Late Pleistocene Settlement in Chile*, t. 2, *The Archaeological Context and Interpretation*, Smithsonian Institution Press, Washington, DC 1997.

324 Marshall E., op. cit.

325 Meltzer D. et al., *On the Pleistocene antiquity of Monte Verde, southern Chile*, „American Antiquity" 1997, nr 62, s. 659–663; Taylor R.E. et al., *Radiocarbon analyses of modern organics at Monte Verde, Chile: No evidence for a local reservoir effect*, „American Antiquity" 1999, nr 64, s. 455–460. Warto zauważyć, że zanieczyszczenie może okazać się rezultatem obecności węgla (węgla kopalnego) lub starszego torfu wymywanego w głąb młodszych źródeł węglowych.

326 Fiedel S., *Monte Verde revisited: Artifact provenence at Monte Verde: Confusion and contradictions*, w: *Monte Verde revisited*, raport specjalny, „Scientific American Discovering Archeology" nr 6, listopad–grudzień 1999, s. 1–12.

327 Adovasio J.M., *Paradigm-death and gunfights*, w: *Monte Verde revisited*, raport specjalny, „Scientific American Discovering Archeology" nr 6, listopad–grudzień 1999, s. 20.

328 Meltzer D.J., *On Monte Verde*, w: *Monte Verde revisited*, raport specjalny, „Scientific American Discovering Archeology" nr 6, listopad–grudzień 1999, s. 16–17.

329 Collins M.B., *The site of Monte Verde*, w: *Monte Verde under fire*, „Archaeology" online, 18 października 1999 (www.archaeology.org).

330 Thomas D.H., *One archaeologist's perspective on the Monte Verde controversy*, w: *Monte Verde under fire*, „Archaeology" online, 18 października 1999 (www.archaeology.org).

331 16 175 lat temu z korektą ± 975; najgłębsza warstwa (kwestionowana) powiązana z Paleoindianami: 21 070 lat temu z korektą ± 475 lat, Adovasio J.M. et al., *The Meadowcroft Rock-shelter radiocarbon chronology 1975–1990*, „American Antiquity" 1990, nr 55, s. 348–54. Recenzja w: Marshall E., op. cit.

332 Marshall E., op. cit.

333 McAvoy J.M. McAvoy L.D., *Archaeological investigations of Site 44SX202, Cactus Hill, Sussex County, Virginia*, Virginia Department of Historic Resources, Richmond, Research Report Series 1997, nr 8. Zob. także Rose M., *Cactus Hill update*, „Archaeology" (10 kwietnia 2000), dostępne pod adresem http://www.archaeology.org/online/news/cactus.html.

334 Marshall E., op. cit.

335 Goodyear A.C., *The stratigraphy story at theTopper site*, „Mammoth Trumpet" (Center for the Study of the First Americans, Department of Anthropology, Texas A&M University) 2001, nr 16(4); również Marshall E., op. cit.

336 Marshall E., op. cit.; zob. też D.K., *Breaking the'Clovis barrier': Were the firstAmericans in South Carolina?*, „Scientific American Discovering Archaeology", wrzesień–październik 1999.

337 Rose M., *Monte Verde fallout: Beyond Monte Verde*, w: *Monte Verde under fire*, „Archaeology" online, 18 października 1999 (www. archaeology.org).

338 Rose M., *Beyond Clovis: How and When the First Americans Arrived*, „Archaeology" 1999, nr 52 (listopad–grudzień) – recenzja książki: Dixon E.J., *Bones, Boats, and Bison: Archeology and First Colonization of Western North America*, University of New Mexico Press, Albuquerque 1999, z argumentacją za szlakiem zachodniego wybrzeża.

339 Wallace A.F.C., *Jefferson and the Indians: The Tragic Fate of the First Americans*, Belknap Press, Cambridge, MA 1999.

340 Oppenheimer S.J., Richards M., *Fast trains, slow boats, and the ancestry of the Polynesian islanders*, „Science Progress" 2001, nr 84(3), s. 157–181. W Polinezji obraz genetyczny pasuje bardzo dobrze do ścieżek lingwistycznych, ale model ten nie sprawdza się dalej na zachód od Polinezji, gdzie historia migracji jest bardziej skomplikowana – zob. ibid.

341 Trask R.L., *Historical Linguistics*, Arnold, London 1996, s. 377.

342 Dixon, R.M.W., *The Rise and Fall of Languages*, Cambridge University Press 1997, s. 94. Do wyjaśnienia obecnej różnorodności amerykańskich rodzin językowych Nichols używa partykularnej definicji rodzin zdefiniowanych jako „stada" – zob. Nichols J., *Linguistic Diversity in Space and Time*, University of Chicago Press, Chicago 1992, s. 24–25, 233). Zob. dyskusję na temat „nadrodzin", różnorodności filogenetycznej i Ameryk w rozdziale 6, w: Nettle D., *Linguistic Diversity*, Oxford University Press 1999.

343 Nichols J., op. cit. Te nadrodziny nie wykluczają prawdopodobieństwa węzłów i grup wyższego stopnia o luźniejszych regułach. Takie grupy wyższego rzędu mogą znaleźć się w innych powszechnych, wtórnych klasyfikacjach; oczywiście mniej węzłów oznacza mniej nadrodzin i ponad połowę mniej oszacowań, zob. także komentarz w: Nettle D., op. cit., s. 120.

344 Nettle D., op. cit. (w rozdziale 6) skrytykował metody Nicholsa i zasugerował model alternatywny, ponownie używając „nadrodzin".

345 Sugerowano nawet, że obecnie dominująca rodzina językowa w Australii, Pama-Nyungan, została wprowadzona wraz z dingo – Flood J., *Archaeology of the Dreamtime*, Collins, Australia 1995, s. 206–208; ale zob. także Dixon R.M.W., op. cit., s. 89–93. Te liczby pochodzą z mojej własnej niepublikowanej analizy.

346 Greenberg J.H. et al., *The settlement of the Americas: A comparison of the linguistic, dental, and genetic evidence*, „Current Anthropology" 1986, nr 27, s. 477–497.

347 Chociaż przyznaję, że synteza Greenberga dotycząca pojedyczej grupy Amerindian jest trudna do utrzymania, podczas omawiania zagadnień genetycznych dalej będę dla wygody używał terminu „Amerindianie" jako określenia rdzennych języków amerykańskich, które nie należą ani do grupy na-dene, ani eskimo-aleuckiej.

348 Ward R.H. et al., *Extensive mitochondrial diversity within a single Amerindian tribe*, „Proceedings of the National Academy of Sciences USA" 1991, nr 88, s.

8720–8724.

349 Horai S. et al., *Peopling of theAmericas founded by four major lineages of mitochondrial DNA*, „Molecular Biology and Evolution" 1993, nr 10, s. 23–47.

350 Wallace D.C., Torroni A., *American Indian prehistory as written in the mitochondrial DNA: A review*, „Human Biology" 1992, nr 64, s. 403–416; Torroni A. et al., *Asian affinities and continental radiation of the four founding Native American mtDNAs*, „American Journal of Human Genetics" 1993, nr 53, s. 563–590; Torroni A. et al., *mtDNA variation of aboriginal Siberians reveals distinct genetic affinities with Native Americans*, „American Journal of Human Genetics" 1993, nr 53, s. 591–608.

351 Torroni A. et al., op. cit.

352 W Ameryce linia A pojawiła się 22 750–45 500 lat temu, B od 6000 do 12 000 lat temu, C od 24 000 do 48 000 lat temu, a D od 13 250 do 26 500 lat temu – tabela 8 w: Torroni A. et al., *Asian affinities*..., op. cit., s. 584. Sugerowano odróżnienie pochodzenia grup na-dene i eskimo-aluckiej, choć tego nie można było bezpośrednio wywnioskować z danych.

353 Zob. także Stariovskaya Y.B. et al., *mtDNA diversity in Chukchi and Siberian Eskimos: Implications for the genetic history of Ancient Beringia and the peopling of the New World*, „American Journal of Human Genetics" 1998, nr 63, s. 1473–1491.

354 Daty zmieniają się od 22 000 do 29 000 lat temu (np. Torroni A. et al., *A mitochondrial DNA 'clock' for the Amerinds and its implications for timing their entry into North America*, „Proceedings of the National Academy of Sciences USA" 1994, nr 91, s. 1158–1162) do 30 000–40 000 lat temu (np. Bonatto S.L., Salzano P.M., *A single and early migration for the peopling of the Americas supported by mitochondrial DNA sequence data*, „Proceedings of the National Academy of Sciences USA" 1997, nr 94, s. 1866–1971; Bonatto S.L., Salzano P.M., *Diversity and age of the four major mtDNA haplogroups, and their implications for the peopling of the New World*, „American Journal of Human Genetics" 1997, nr 61, s. 1413–1423); aby rozszerzyć horyzont do 23 000–37 000 lat temu, zob. Stone C.A., Stoneking M., *mtDNA analysis of a prehistoric Oneota population: Implications for the peopling of the New World*, „American Journal of Human Genetics" 1998, nr 62, s. 1153–1170. Choć wolę podaną przez Forstera datę ekspansji 22 000 lat, tuż przed maksimum zlodowacenia (Forster P. et al., *Origin and evolution of Native American mtDNA variation: A reappraisal*, „American Journal of Human Genetics" 1996, nr 59, s. 935–945), jest jasne, że na podstawie podanego zakresu dat najbardziej kontrowersyjne dane Dillehaya (op. cit.) o zasiedleniu Monte Verde 35 000 lat temu nie zostaną całkowicie wykluczone przez genetyków.

355 Torroni A. et al., op. cit.; Forster P. et al., op. cit.

356 Jest to jednak daleka rodzina, gdyż rozszczep był raczej głęboki – Forster P. et al., op. cit.

357 Saillard J. et al., *mtDNA variation among Greenland Eskimos: The edge of the Beringian expansion*, „American Journal of Human Genetics" 2000, nr 67, s. 718–726; Forster P. et al., op. cit. To ewentualne powinowactwo D zostało jednak później obalone przez odkrycie, że linia D2 oznacza późniejszą ekspansję ze strony syberyjskiej – Stariovskaya Y.B. et al., op. cit.

358 Shields G.F. et al., *mtDNA sequences suggest a recent evolutionary divergence for Beringian and northern North American populations*, „American Journal of Human Genetics" 1993, nr 53, s. 549–562.

359 Forster P. et al., op. cit. Mimochodem powinienem zauważyć, że genetycy nie byli pierwszymi, którzy wskazali na ważną rolę Beringii w amerykańskiej prehistorii. Archeolodzy tacy jak Knut Fladmark (zob. niżej) już wspominali o tym.

360 Przystępna chronologiczna mapa Beringii – zob. http://www.ngdc.noaa.gov/paleo/parcs/atlas/beringia/index.html. Mapy oparte na batymetrii i krzywych poziomu morza – zob. Bard E. et al., *Deglacial sea-level record from Tahiti corals and the timing of global meltwater discharge*, „Nature" 1996, nr 382, s. 241–244. Na temat chłodniejszego lata zob. Schweger C.E., *Late Quaternary palaeoecology of the Yukon: A review*, w: H.V. Danks, J.A. Downes (red.), *Insects of the Yukon*, Biological Survey of Canada (Terrestrial Arthropods), Ottawa 1997, s. 59–72. Arktyczna pustynia – zob. mapy na stronie Jonathana Adamsa ESD ORNL: http://www.esd.ornl.gov/projects/qen/euras 18k.gif oraz http://www.esd.ornl.gov/projects/qen/euras(2.gif. Ważny element wsparcia dla tego scenariusza stanowiła obserwacja, że najgłębszy typ założycielski był cechą grupy na-dene rzadką lub nieobecną w grupie eskimo-aleuckiej, podczs gdy typy pochodne A2 były znajdowane we wszystkich populacjach Inuitów. Oznacza to, że A2 najprawdopodobniej wywodzi się z grupy na-dene i później zdywersyfikowała się w grupie eskimo-aleuckiej, łącznie z Inuitami syberyjskimi, i rozprzestrzeniła na ich sąsiadów Czukczów. Innymi słowy, źródłem beringiańskiej założycielskiej linii A2 była oryginalna amerykańska pula genetyczna po stronie alaskiańskiej, a nie późniejszy napływ azjatycki (Saillard J. et al., op. cit.).

361 Zdaje się to znacznym niedoszacowaniem ludzkiego zasiedlenia tego regionu, ponieważ 81% próbek z Ameryki Środkowej pochodziło z kultury Czibcza, według znanych archeologicznych dowodów sięgającej w przybliżeniu 10 000 lat – Torroni A. et al., *A mitochondrial DNA*..., op. cit. Istnieje interesująca anomalia dotycząca wieku grupy B, wynosi on bowiem 25 000 lat w Ameryce Południowej, natomiast w Ameryce Południowej – raczej mniej niż 19 000 lat. To ostatnie oszacowanie wydaje się niezgodne z teorią Stariowskiej (zob. przypis 37 powyżej), zgodnie

z którą B nadeszła po epoce lodowcowej szlakiem wzdłuż wybrzeża, lecz może nawet zgadzać się z hipotezą ponownej ekspansji B w Ameryce Północnej powiązaną z Clovis. Oszacowany wiek 11 300 lat uzyskany dla polodowcowej ekspansji ukrywa prawdziwy wiek typu założycielskiego A2 jako przodka grup: na-dene i eskimo-aleuckiej. Wynosi on prawdopodobnie 25 000 lat, czyli jest zbliżony do wyższej wartości uzyskanej dla A2 u Amerindian. Innymi słowy, ta starsza data wspiera pogląd, że oryginalni przodkowie A1 i A2 wszystkich amerykańskich grup językowych pojawili się w Ameryce Północnej przed ostatnim zlodowaceniem. Saillard J. et al. (op. cit.) przeanalizowali ponownie drzewo genetyczne A2 i czas ekspansji wśród grup na-dene i eskimo-aleuckiej. Ich rezultaty przedstawiają fascynujący obraz ciągłej, cyklicznej walki z ekstremalnie zimnym klimatem w czasach historycznych. Przede wszystkim zauważyli, że należący do tej pierwszej lud Haida zamieszkujący Wyspę Królowej Charlotty na zachód od wybrzeża kanadyjskiego musiał raczej wcześnie odszczepić się od grupy eskimo-aleuckiej i zamieszkujących ląd stały grup na-dene, nie dzielą bowiem z nimi żadnych typów poza założycielskim korzeniem A2. Na przykład jedna z podgałęzi A2 (16192) narodziła się później (około 22 000 lat temu) w Beringii lub na lądzie stałym, następnie zaś rozprzestrzeniła się wśród zarówno na-dene, jak i Inuitów w peryferyjnej strefie arktycznej dawniej niż 6300 lat temu. Inna podgałąź A2 (1626SG), o wiele późniejsza i znajdowana jedynie w grupie eskimo-aleuckiej, zaczęła ekspansję 3000 lat temu. Saillard et al. śledzą ową nawracającą genetyczną reekspansję tej gałęzi Inuitów aż do archeologicznie potwierdzonej rekolonizacji Grenlandii przez kilka tysięcy lat, w świetle następujących po sobie i ustępujacych okresów zlodowacenia. Ci sami badacze oraz zespół Stariowskiej dowiedli, że inna linia założycielska Inuitów (D2) pochodzi nie od amerykańskiej D1, lecz jest efektem kontaktu z Syberią za pośrednictwem Beringii. To jedyny jasny dowód na późne oddzielne wejście do Ameryki. Oczywiście oznacza to, że grupa eskimo-aleucka jest w niewielkim zakresie mieszanką populacji amerykańsko-syberyjskich, a nie prostą nową migracją. Saillard ze współpracownikami pokazał, że ekspansja syberyjskiej D2 mogła być całkiem niedawna i nastąpić kilka tysięcy lat temu.

362 Bonatto i Salzano (op. cit.) mówią w zasadzie to samo o beringiańskim regionie ucieczki i reekspansji, podczas gdy Stone i Stoneking (op. cit.) oraz Stariowskaja et al. (op. cit.) mają własne opinie na ten temat. Wszystkie te badania różnią daty pierwszego wejścia do Ameryk nawet wcześniejsze niż u Forstera, generalnie przekraczające 30 000 lat. Nie podejmuję się tutaj oceny wartości różnych metod datowania genetycznego. Moje własne preferencje jako obserwatora skłaniają mnie ku metodom Forstera i jego zespołu, tzn. obliczania *rho* (Forster P. et al., op. cit.). Tę metodę stosowałem, wykonując większość oszacowań w tej książce. Polega ona na obliczaniu średniej liczby mutacji w drzewie genetycznym. Jej plusem jest stosunkowa niezależność od nieznanej liczby minionych wariacji wielkości populacji (co w tym przypadku daje bardziej

ostrożne oszacowanie). Jednakże niezależnie od tego, której metody użyjemy, wynik z łatwością obala tezę pierwszeństwa Clovis i oznacza, że Ameryki zostały najprawdopodobniej skolonizowane przed ostatnią epoką lodowcową.

363 Bailliet G. et al., *Founder mitochondrial haplotypes in Amerindian populations*, „American Journal of Human Genetics" 1994, nr 55, s. 27–33; rys. 7 w: Bandelt H.-J. et al., *Mitochondrial portraits of human populations using median networks*, „Genetics" 1995, nr 141, s. 743–753; Torroni A. et al., *Classification of European mtDNAs from an analysis of three European populations*, „Genetics" 1996, nr 144, s. 1835–1850.

364 Brown M.D. et al., *mtDNA Haplogroup X: An ancient link between Europe/Western Asia and North America?*, „American Journal of Human Genetics" 1998, nr 63, s. 1852–1861; zob. też Ward R.H. et al., op. cit.

365 Próbki DNA zostały pozyskane ze szczątków ze starożytnego cmentarza w Norris Farms – Stone C.A., Stoneking M., op. cit.; Brown M.D. et al., op. cit.

366 List sekretarza ds. zasobów wewnętrznych Bruce'a Babbitta do sekretarza armii Louisa Caldery z 21 września 2000 r., dotyczący dyspozycji w sprawie szczątków człowieka z Kennewick; *Report on the Non-Destructive Examination, Description, and Analysis of the Human Remains from Columbia Park, Kennewick, Washington*, październik 1999; Powell J.F., Rose J.C., *Report on the Osteological Assessment of the 'Kennewick Man' Skeleton (CENWW.97. Kennewick)*, rozdział 2, w: P.P. McManamon (red.), *Report on the Non-Destructive Examination Description, and Analysis of the Human Remains from Columbia Park, Kennewick, Washington*, National Park Service, Department of the Interior, Washington, D.C. 1999. (CENWW.97.Kennewick).

367 Chatters J., op. cit.

368 Chandler J.M., Stanford D., *Immigrants from the other side?*, „Mammoth Trumpet" (Center for the Study of the First Americans, Department of Anthropology, Texas A&M University) 2001, nr 17(1), s. 11–16.

369 Stanford D., Bradley B., *The Solutrean solution: Did some ancient Americans come from Europe?*, „Discovering Archaeology" 2000 (luty 2000). Zob. opinię o tej starej teorii: Holden C., *Were Spaniards among the First Americans?*, „Science" 1999, nr 286, s. 1467–1468.

370 Stone C.A., Stoneking M., op. cit., s. 1168.

371 Karafet T.M. et al., *Ancestral Asian source(s) of New World Y-chromosome founder haplotypes*, „American Journal of Human Genetics" 1999, nr 64, s. 817–831; Merriwether D.A. et al., *'mtDNA variation indicates Mongolia may have been*

the source for the founding population for the New World, „American Journal of Human Genetics" 1996, nr 59, s. 204–212.

372 Nieskorygowane datowanie radiowęglowe szczątków człowieka z jaskini Spirit: Barker P. et al., *Determination of cultural affiliation of ancient human remains from Spirit Cave, Nevada*, Report, Bureau of Land Management, Nevada State Office 2000; Jantz R., Owsley D., *Pathology, taphonomy, and cranial morphometrics of the Spirit Cave mummy*, „Nevada Historical Society Quarterly" 1997, nr 40, s. 62–84. Wspaniała mapa pokazująca znaleziska paleoindiańskie i ich daty jest dostępna pod adresem: http://www.csasi.org/July2000/Earliest%20Americans.htm (autor: David Heath).

373 http://www.antropologiabiologica.mn.ufrj.br/english/luzia/estrelal.htm.

374 Zob. zwłaszcza Brown P., *The first modern East Asians? Another look at Upper Cave 101, Liujiang and Minatogawa 1*, w: K. Omoto (red.), *Interdisciplinary Perspectives on the Origins of the Japanese*, International Research Center for Japanese Studies, Kyoto 1999, s. 105–130. Neves W.A., Pucciarelli H.M., *The Zhoukoudien Upper Cave skull 101 as seen from the Americas*, „Journal of Human Evolution" 1998, nr 34, s. 219–222; Neves W.A. et al., *Modern human origins as seen from the peripheries*, „Journal of Human Evolution" 1999, nr 37, s. 129–133. Zob. też rys. 8 w: Hanihara T., *Frontal and facial flatness of major human populations*, „American Journal of Physical Anthropology" 2000, nr 111, s. 105–134.

375 Lahr M., *The Evolution of Modern Human Diversity: A Study of Cranial Variation*, Cambridge University Press 1996.

376 Powell J.F., Neves W.A., *Craniofacial morphology of the first Americans: Pattern and process in the peopling of the New World*, „Yearbook of Physical Anthropology" 1999, nr 42, s. 153–188.

377 Powell i Neves (ibid.) wskazują jednakowoż, że do tego rezultatu mogło doprowadzić kilka innych scenariuszy.

378 Underhill P.A. et al., *Y-chromosome sequence variation and the history of human populations*, „Nature Genetics" 2000, nr 26, s. 358–361; zob. też rys. 1 i tabela 1 w: Hammer M.F. et al., *Hierarchical patterns of global human Y-chromosome diversity*, „Molecular Biology and Evolution" 2001, nr 18(7), s. 1189–1203. Klad M4S został zreklasyfikowany jako P (Polo) – TheY Chromosome Consortium, *A nomenclature system for the tree of human Y-chromosomal binary haplogroups*, „Genome Research" 2002, nr 12, s. 339–348.

379 Wg Hammera: haplotyp 36, 103/495 = 21% (Hammer M.F. et al., op. cit.). Główna amerykańska linia założycielska ma obejmować 69/439 = 15,7%

chromosomów Y rdzennych Amerykanów – ibid., dane łączone z podanymi w: Underhill P.A. et al., op. cit. Eu 20 – 1%, za: Semino O. et al., *The genetic legacy of Paleolithic Homo sapiens sapiens in extant Europeans: A Y-chromosome perspective*, „Science" 2000, nr 290, s. 1155–1159. Na temat Bajkału – Karafet T.M. et al., op. cit. Wg Hammera haplotyp 37 (u Semino haplotyp Eul8/konsensusowy R1b). Porównanie obserwowanej częstotliwości wśród rdzennych Amerykanów z oczekiwaną na podstawie przypuszczalnego przepływu genów z Azji Północnej ze stosunkiem zysków i strat: 4,51, za: Hammer M.F. et al., op. cit.; R/Rusłan to zreklasyfikowana nazwa M45/M173 – TheY Chromosome Consortium, op. cit.

380 Grupa Q/Quetzalcoatl odnosi się do haplogrupy zdefiniowanej przez M45/M3 – The Y Chromosome Consortium, op. cit. Karafet et al., op. cit.; Karafet T.M. et al., *Paternal population history of East Asia: Sources, patterns, and microevolutionary processes*, „American Journal of Human Genetics" 2001, nr 69, s. 615–628. Oszacowany wiek (22 000 lat) za: Bianchi N.O. et al., *Characterization of ancestral and derived Y-chromosome haplotypes of New World native populations*, „American Journal of Human Genetics" 1998, nr 63, s. 1862–1871.

381 Na podstawie porównania ilorazów szans z użyciem danych z: Hammer M.F. et al., op. cit.

382 O markerze M217 i jego wschodnioazjatyckim i amerykańskim rozkładzie zob.: Underhill P.A. et al., *Maori origins, Y-chromosome haplotypes and implications for human history in the Pacific*, „Human Mutation" 2001, nr 17, s. 271–280. O częstotliwości występowania na wybrzeżu Pacyfiku: Karafet T.M. et al., *Ancestral Asian source(s)*..., op. cit.

383 Afontowa Gora II nad Jenisejem na południowej Syberii (zob. rozdział 5).

384 Derenko M.V. et al., *The presence of mitochondrial Haplogroup X in Altaians from South Siberia*, „American Journal of Human Genetics" 2001, nr 69, s. 237–241. Warto zauważyć, że podobne do tego, pojedyncze wystąpienia mogą być nadal wynikiem ostatniej europejskiej ekspansji, ponieważ syberyjskie haplotypy nie mają unikatowych typów korzeni, lecz leżą na podgałęzi dzielonej z niektórymi europejskimi haplotypami. Brown P. et al., op. cit.

385 B4 i B5 odpowiadają B1 i B2 zdefiniowanym w: Kolman C.J. et al., *Mitochondrial DNA analysis of Mongolian populations and implications for the origin of New World founders*, „Genetics" 1996, nr 142, s. 1321–1334. Zob. przypis 38, rozdział 5. Haplotyp 4 wg: Ingman M. et al., *Mitochondrial genome variation and the origin of modern humans*, „Nature" 2000, nr 408, s. 708–713. Haplotyp B4 analizowany w Japonii wg: Maca-Meyer N. et al., *Major genomic mitochondrial lineages delineate early human expansions*, „BMC Genetics" 2001, nr 2, s. 13. Dodatkowe dopasowane miejsca (oprócz tych, które definiują samą

B4) między dwoma haplotypami: HVS 16189; nie-HVS 499, 827, 13590, Haplotyp 4 wg Ingmana jest ściśle dopasowany do innego haplotypu 21 u tych Indian, w: Torroni A. et al., *Asian affinities*..., op. cit.

386 Torroni A. et al., *Asian affinities*..., op. cit.

387 Odżibwejowie mają także grupę A1, rzadką w Ameryce Północnej. O znalezieniu jej tylko u nich: Torroni A. et al., *Asian affinities*..., op. cit. (Wielkie Jeziora i Kanada). Inne podobne A1 zostały znalezione dzięki analizie DNA w starożytnych kościach z prekolumbijskiego cmentarza (Norris Farms) w Minnesocie, blisko Wielkich Jezior (Stone C.A., Stoneking M., op. cit.). O częstotliwości rzadkiego typu grupy X zob. Brown P. et al., op. cit. Na temat tylko jednego dominanta założyciela Y zob. Scozzari R. et al., *mtDNA andY chromosome: Specific polymorphisms in modern Ojibwa: Implications about the origin of their gene pool*, „American Journal of Human Genetics" 1997, nr 60, s. 241–244. W szczepach Algonkinów również pojawiają się podobne jak wśród grupy językowej na-dene po obu stronach Cieśniny Beringa mity o kryciu się pod ziemią podczas powrotu do życia po potopie, zob. Oppenheimer S.J., *Eden in the East: The Drowned Continent of Southeast Asia*, Weidenfeld & Nicolson, London 1998, s. 236–37.

388 Przez przypadek jeden z uczestników, Amerykanin greckiego pochodzenia, również należał do klanu X. Tak mała próbka pokazała więc, jak potężnym narzędziem do śledzenia starożytnych skoligaceń jest mtDNA.

389 Stone C.A., Stoneking M., op. cit.; Kolman C.J. et al., op. cit. Na temat kultur Fremont znad Wielkiego Słonego Jeziora zob. Parr R.L. et al., *Ancient DNA analysis of Fremont Amerindians of the Great Salt Lake wetlands*, „American Journal of Physical Anthropology" 1996, nr 99, s. 507–518. O wymarłych szczepach mieszkańców Ziemi Ognistej – Fox C.L., *Mitochondrial DNA haplogroups in four tribes from Tierra del Fuego–Patagonia: Inferences about the peopling of the Americas*, „Human Biology" 1996, nr 68, s. 855–871. Mieszkańcy Ziemi Ognistej silnie kontrastują ze szczepami Czibczów z Ameryki Środkowej, które wszystkie mają A i B, ale nie występują wśród nich C i D (Stone C.A., Stoneking M., op. cit.).

390 Torroni A. et al., op. cit.; Forster P. et al., op. cit.; tabela 2 w: Stone C.A., Stoneking M., op. cit.

391 Stariovskaya Y.B. et al., op. cit.; zob. przypis 71.

392 Fladmark K.R., *Routes: Alternate migration corridors for early man in North America*, „American Antiquity" 1979, nr 44(1), s. 55–69; zob. też idem, *Possible early human occupation of the Queen Charlotte Islands, British Columbia*, „Canadian Journal of Archaeology" 1990, nr 14, s. 183–197. Na temat Peru:

Sandweiss D.H. et al., *Quebrada Tacahuay: Early South American maritime adaptations*, „Science" 1998, nr 281, s. 1830–1832; Keefer O.K. et al., *Early maritime economy and El Nino events at Quebrada Tacahuay, Peru*, „Science" 1998, nr 281, s. 1833–1835.

393 Leonard J. et al., *Population genetics of Ice Age brown bears*, „Proceedings of the National Academy of Sciences USA" 2000, nr 97, s. 1651–1664.

394 Dixon E.J., *Bones, Boats, and Bison: Archaeology and the First Colonization of Western North America*, University of New Mexico Press, Albuquerque 1999; Erlandson J.M., *An archaeological and palaeontological chronology for Daisy Cave (CA-SMI-261), San Miguel Island, California*, „Radiocarbon" 1996, nr 38(2), s. 355–373. Data pierwszej ludzkiej obecności 10 500 lat temu podana w tej pulikacji została teraz cofnięta do mniej więcej 11 600 lat temu. Powtórne datowanie zostało po raz pierwszy podane przez Santa Barbara Museum of Natural History w „San Francisco Chronicle", 12 kwietnia 1999.

395 Fedje D.W., Josenhans H., *Drowned forests and archaeology on the continental shelf of British Columbia, Canada*, „Geology" 2000, nr 28, s. 99–102.

Epilog

Siedem milionów lat temu zimna, sucha pogoda zniszczyła naturalne środowisko zamieszkujących lasy gatunków małp. Jakiś czas później nastąpiły pierwsze ewolucyjne kroki w stronę dwunogich, wielkomózgich stworzeń nazwanych przez nas *Homo sapiens*. Paleontolodzy muszą jeszcze uzgodnić, kiedy dokładnie anatomiczne dowody dwunożności pojawiły się w zapisach kopalnych oraz czy rozejście się z przodkami szympansów nastąpiło pięć czy siedem milionów lat temu, ale wiadomo na pewno, że to się zdarzyło. Pierwszą chodzącą na dwóch nogach i gotową do ewolucji małpą człekokształtną był *Australopithecus*, z mózgiem skromnych jak u szympansa rozmiarów, co miało się zmienić w miarę postępów ewolucji. Podczas intensyfikacji fazy zimnej i suchej nieco ponad dwa miliony lat temu rozpoczął się gwałtowny wzrost rozmiarów mózgu, lecz tylko u człowiekowatych, którzy pojawili się mniej więcej w tym czasie, i u ich siostrzanego rodzaju *Paranthropus*. Gwałtowność tej początkowej zmiany nigdy się nie powtórzyła.

BIOLOGIA I KULTURA: KOEWOLUCJA

Dwa nowe rodzaje hominidów cechowało coś, co przynosiło im szczególne korzyści w owym okresie narastającej suchości klimatu. Nowe zachowanie, jak się zdaje, nie miało związku ze specyficzną dietą, gdyż oba rodzaje utrzymywały się przy życiu w bardzo różny sposób, a ową cechą, która prawdopodobnie przynosiła im korzyści, był większy mózg. W czasie tej fazy ludzkiej ewolucji nasze mózgi

urosły gwałtownie, gdy reszta ciała zmieniła się niewiele. Tempo proporcjonalnego wzrostu wielkości mózgu było największe tuż po narodzinach rodzaju *Homo*, co potwierdza wnioski, do których doprowadziła analiza rozwoju *Paranthropus*, że nasi przedludzcy przodkowie posiedli unikatową umiejętność, która następnie stała się motorem ludzkiej ewolucji. Najoczywistszym kandydatem do roli tej „unikatowej umiejętności", która mogła skorzystać na powiększeniu mózgu i która nadal oddziela nas od innych gatunków, jest *mowa*. Jednakże z powodu braku prehistorycznych magnetofonów najbardziej oczywistym fizycznym dowodem zmian kulturalnych jest fakt, że ludzie od początku formowali kamienne narzędzia.

Pomimo gwałtownego wzrostu rozmiarów mózgu postęp w wytwarzaniu narzędzi był przez milion lat boleśnie powolny, a nowa technologia nie powstawała automatycznie w ślad za pojawianiem się nowych ludzkich gatunków. Kamienne narzędzia typu aszelskiego wymyślił afrykański *Homo erectus* 1,4 miliona lat temu, co nastąpiło długo po opuszczeniu ojczystego kontynentu przez przodka azjatyckiego *erectusa*. Z tego powodu technologia aszelska nie wkroczyła do Eurazji aż do czasu następnego exodusu.

LUDZIE JAKO SSAKI

Przez ostatnie 2,5 miliona lat historię człowieka wyznaczały wielkie skoki technologii i eksploracji świata oddzielone długimi okresami marazmu. W powszechnym przekonaniu nasi przodkowie wspinali się na ewolucyjną drabinę osiągnięć i zdolności, na której każdy nowy szczebel był niedostępny dla ich bezpośrednich poprzedników. Z utopijnego punktu widzenia jesteśmy ostatnim z wciąż ulepszanych modeli. Takie spojrzenie niesie w sobie implikację, że przez cały czas byliśmy panami własnych przedsięwzięć, a granice kolonizacji zależały jedynie od inteligencji i zaradności ludzkiego gatunku, który w danym okresie dominował na naszej planecie. Tak optymistyczne spojrzenie na naszą inteligencję i wolę samostanowienia jest przesadzone.

Jeden z pierwszych człowiekowatych, *Homo erectus*, szybko opuścił Afrykę i skolonizował całą Eurazję. Jednak nie były to pierwsze małpy człekokształtne, którym to się udało, co widać po orangutanach i gibbonach zasiedlających Azję Południowo-Wschodnią. Nie byli to też pierwsi *Homo*, którzy dokonali tego przed nami. W porównaniu z pierwszymi gatunkami ludzkimi *dodatkowymi* globtroterskimi osiągnięciami naszych przodków było dotarcie do Ameryk i na antypody. Nasze nawracające ekspansje, podczas których wykorzystywano dwa dobrze przetarte szlaki z Afryki, były powtarzane przez inne gatunki ssaków i zdeterminowane głównie przez klimat i geografię. Pod względem różnorodności zamieszkiwanych środowisk i osiągniętej gęstości zasiedlenia różnimy się od wielkich ssaków, ale nie od gryzoni. W tym kontekście od gryzoni odróżnia nas jedynie nasza wielkość i konsumowanie znacznie większej ilości zasobów na osobę.

O opuszczeniu Afryki północnym i południowym szklakiem zawsze decydowały cykle klimatyczne i dostępność zasobów. Bezustanny cykl lodowcowy nie tylko otwierał i zamykał bramy wyjścia z Afryki, lecz także okresowo ujmował lokalne społeczności w żelazne kleszcze niemal śmiertelnego uścisku, by wyprodukować nowych ludzi z większymi mózgami, którzy mieli pozostać w domu lub opuścić swe miejsce urodzenia w Afryce i szukać szczęścia gdzie indziej.

NASZE MÓZGI PRZESTAŁY ROSNĄĆ DAWNO TEMU

W Afryce ponad 1,2 miliona lat temu mózgi *Homo rhodesiensis* osiągały 6% objętości mózgów dzisiejszych ludzi. Około 300 000 lat temu sterowany klimatem wzrost rozmiarów sięgnął *plateau* na poziomie 11% powyżej objętości mózgów dzisiejszych ludzi. Od tego czasu nasze mózgi i ciała zmalały. Lodowcowe cykle szybkiego wzrostu, stresu i niepowodzeń ciągnęły się nieprzerwanie, ale oprócz kosmetycznych zmian proporcji kończyn, brwi i kształtu czaszki, dalsza ewolucja ludzkiego rodzaju zwolniła, nabierając ślimaczego

tempa. Zapewne tak jak w przypadku produkcji samochodów zadziałało prawo malejących przychodów i nieekonomiczne stało się budowanie modeli z coraz większymi silnikami.

Antropolożki Sally McBrearty i Alison Brookes argumentują przekonująco, że w tym punkcie został osiągnięty prawdziwy fizyczny i behawioralny próg *Homo sapiens*. Z tego punktu widzenia ludzie rozumni (ludzie anatomicznie współcześni) są zaledwie ostatnią rasą wyrosłą z tak zwanych archaicznych *Homo sapiens* po kolejnym niemal doszczętnym wyginięciu ponad 150 000 lat temu w Afryce. Istnieją dowody, że archaiczne typy *Homo sapiens* również opuściły Afrykę, aby skolonizować Eurazję na długo przed nami.

EWOLUCJA KULTURALNA PRZEJĘŁA STER

W obrazie nakreślonym przez McBrearty i Brookes wszystkie charakterystyczne elementy behawioralnej nowoczesności można prześledzić wstecz do afrykańskiej środkowej epoki kamienia (środkowego paleolitu). Nie trzeba wspominać, że 300 000 lat temu nastąpił technologiczny wielki wybuch. Ich dowody podkreślają następujący potem przyspieszony rozwój ludzkiej technologii, najpierw powolny, potem coraz szybszy i szybszy. Pojedyncze wczesne osiągnięcia były raczej skromne i pojawiały się z opóźnieniem, lecz w miarę przekazywania i gromadzenia coraz większej wiedzy kolejnym generacjom przypadł „procent składany” i ewolucja kulturalna zaczęła zostawiać ewolucję genetyczną daleko za sobą. Spójrzmy na to z innej strony. Jeżeli ewolucja kulturalna przejęła pałeczkę od tej drugiej ponad 300 000 lat temu, to różnice między nami a archaicznymi *Homo sapiens* sprowadzają się jedynie do aspektów kulturalnych i gdyby żyli między nami dzisiaj, mieliby potencjał intelektualny do wysłania człowieka na Księżyc.

HISTORIA GENÓW: W CZYM JEST POMOCNA

Co nowe narzędzia genetyczne mogą nam powiedzieć o nas samych i naszych przodkach, czego spostrzegawczy paleoantropolodzy i archeolodzy jeszcze nie nakreślili? Odpowiedź brzmi: bardzo dużo, co mam nadzieję, udało mi się w tej książce pokazać. Paleontologia genetyczna przynosi klarowność w dziedzinie niemal średniowiecznego zamętu. Samo mierzenie czaszek i ich kształtów, dokumentowanie kamiennych narzędzi i ich datowanie dają jedynie niedoskonały obraz ludzkiej prehistorii. Niedostatkowi pozostałości szkieletów paleolitycznych towarzyszy olbrzymia różnorodność kształtów czaszek ludzkich. Oparcie się na kształcie czaszki jako systemowym znaczniku określającym pokrewieństwo etniczne utrudniają efekty niedożywienia i zahamowania wzrostu w tradycyjnych społeczeństwach rolniczych, jak również nieznane proporcje domieszek różnych grup ludzkich. Z tego powodu całkiem łatwo narobić zamieszania w opartej na takich pomiarach rekonstrukcji prehistorii ludzkich migracji. Kamienne narzędzia, o wiele liczniejsze od ludzkich kości, dają jedynie jednostronne spojrzenia i mówią nam o osiągniętej kulturze ich twórców, lecz niekoniecznie o ich pochodzeniu, trasach migracji lub biologii.

Dwa najlepsze przykłady kontrowersji, które pokutowały wśród antropologów w rezultacie stosowania tych niedoskonałych narzędzi, to, po pierwsze, przeciwstawne teorie wyjścia z Afryki lub wieloregionalnego pochodzenia człowieka, a po drugie, spór o to, czy występowało krzyżowanie neandertalczyków z Europejczykami kultury kromaniońskiej. Klasyczna genetyka populacyjna, stosując proste znaczniki białkowe, daje obraz równie rozmazany jak badania kształtu czaszek. Wszystko to zmieniła możliwość badania nieskażonego przekazywania genów Adama i Ewy następnym pokoleniom.

Proste i przejrzyste drzewo genetyczne zarówno dla współczesnych chromosomów Y, jak i mtDNA wskazuje ostatnich wspólnych przodków wszystkich ludzi rozumnych w okresie 200 000 lat i migracje z Afryki dawniejsze niż 100 000 lat temu. Nowa linia raczej szybko zastąpiła istniejące wcześniej ludzkie linie genetyczne, łącznie z neandertalczykami. Wprawdzie mogło nastąpić krzyżowanie archaicznych i rozumnych *Homo sapiens*, ale nie ma na to żadnych

przekonujących dowodów w naszych męskich i żeńskich liniach genetycznych. A zatem, jeżeli nawet nastąpiło skrzyżowanie ras, zdarzyło się to na niewielką skalę, starożytne linie mogły zaś wyginąć. Niektórzy sugerują, że ślady takiego skrzyżowania mogą pozostawać niewykryte w naszym rozległym genomie jądrowym, lecz kluczowe w tym wypadku jest słowo „niewykryte". Z powodu ich tendencji do rekombinacji i mieszania w każdym pokoleniu trudno jest nakreślić jednoznaczne drzewo genów jądrowych, więc pytania te pozostaną na zawsze bez odpowiedzi.

PIERWSZE WYJŚCIE DO AZJI POŁUDNIOWEJ

Argumentowałem w tej książce na podstawie dowodów genetycznych – mając w zanadrzu kilka archeologicznych dat – kamieni milowych – że pierwsze udane wyjście było pojedyncze, zdarzyło się 80 000 lat temu, wyprowadziło ludzi z Afryki południowym szlakiem i sięgnęło Półwyspu Malajskiego dawniej niż 74 000 lat temu i Australii przed 70 000 lat. Wcześniejsza próba kolonizacji Lewantu zakończyła się wymarciem 90 000 lat temu. Choć pozostawia to możliwość późniejszej kolonizacji Australii przez archaiczne ludy ze wschodniej Indonezji, pierwsi na tej ziemi byli ludzie rozumni i nie ma dotąd żadnych przekonujących dowodów obecności archaicznego Adama i Ewy w liniach genetycznych dzisiejszych Aborygenów.

W tych wszystkich przewidywaniach widać centralną rolę Azji Południowej (zwłaszcza Indii, Pakistanu i Zatoki Perskiej) jako źródła wszystkich nieafrykańskich rozproszeń. Przyglądając się drzewu genealogicznemu, widzimy, że najwcześniejsze gałęzie wszystkich nieafrykańskich linii genetycznych pochodzą z Azji Południowej i Południowo-Wschodniej. Daty pierwszego skolonizowania przez ludzi rozumnych Azji Środkowej i Wschodniej są problematyczne, ponieważ datowanie czaszek jest niepewne, a stare ślady zostały zatarte przez późniejsze osadnictwo mongoloidów, ale jeżeli ponowne datowanie czaszki z Liujiang potwierdzi wiek nie krótszy niż

68 000 lat, być może okaże się, że południowe Chiny zostały skolonizowane w tym samym czasie co Azja Południowo-Wschodnia. Jeżeli ludzie rozumni dotarli do Azji Południowo-Wschodniej przed wielkim wybuchem wulkanu Toba, ostry genetyczny rozłam między Indiami i Dalekim Wschodem można wyjaśnić chmurą popiołów, która pokryła Indie około 74 000 lat temu.

WĘDRÓWKA NA PÓŁNOC

Europa i Azja Zachodnia zostały skolonizowane później, około 50 000 lat temu, kiedy cieplejszy świat otworzył korytarz z regionu Zatoki Perskiej do krajów wschodniego basenu Morza Śródziemnego.

Odkrycia archeologiczne sugerują, że Azja Środkowa została po raz pierwszy skolonizowana w tym samym czasie co Eurazja Zachodnia, około 40 000–50 000 lat temu. Potwierdza to grupa linii genetycznych wciąż znajdowanych w Azji Środkowej i Północnej, ponadto wskazuje ona na bezpośrednie przejście na północ z subkontynentu indyjskiego wokół zachodniego brzegu Himalajów. Niektóre z tych północnych i środkowoazjatyckich linii ostatecznie przedostały się na zachód do Europy i na wschód do Ameryk. Inne linie Azji Środkowej, jak się zdaje, ostatecznie wywodziły się od wczesnych przeszukiwaczy plaż z basenu Azji Południowo-Wschodniej, po prawdopodobnym przejściu szlakiem wokół zachodniego krańca Himalajów. Ojczyzna tak zwanego fizycznego typu mongoloidalnego, jeżeli istnieje taki pojedynczy zespół cech, pozostaje nieznana i sporna, choć powiązane dowody wynikające z analizy uzębienia wskazują ponownie na południe. Najprostszy obraz dowodów genetycznych i geograficznych jest zgodny z poglądem, że gdzieś w Azji Środkowej (tzn. na północ od Himalajów) istniał region, w którym pewne tendencje związane z wyglądem, jakie w rezultacie dryfu zaczęły się już zaznaczać wśród ludów Azji Południowo-Wschodniej, zostały wyolbrzymione albo przez dalszy dryf, albo przez dobór w warunkach konieczności radzenia sobie z zimnym klimatem.

OSTATNIE ZLODOWACENIE: UCIEKINIERZY I PIONIERZY

Po wybuchu Toby najbardziej dramatycznym późniejszym zdarzeniem klimatycznym, mającym wpływ na świat ludzi rozumnych, był szczyt ostatniego zlodowacenia 18 000 lat temu. Dla Afryki oznaczało to kolejne wielkie pustynnienie i załamanie populacji. W Europie, najlepiej zbadanym regionie, ludzie zostali zmuszeni do wycofania się na południe do kilku miejsc schronienia w Kraju Basków, we Włoszech, na Bałkanach, a w Europie Wschodniej na Ukrainie. Obraz genetyczny potwierdza zaobserwowane przez archeologów załamanie się populacji w Europie Zachodniej i Środkowej. W konwencjonalnym zapisie archeologicznym niedobitki paleolitycznych łowców-zbieraczy zostały mniej więcej zastąpione w ciągu ostatnich 10 000 lat rolnikami z Anatolii i Lewantu. Jednakże większość męskich i żeńskich linii genetycznych współczesnych Europejczyków pochodzi od linii przodków europejskich jeszcze z okresu paleolitu, którzy przed okresem neolitu powrócili z miejsc ucieczki na południu.

O wiele mniej wiemy o wpływie maksimum zlodowacenia na Azję. Niektórzy sugerują niemal całkowite, jednorazowe porzucenie rozległego stepu środkowoazjatyckiego, poprzednio zamieszkanego przez górnopaleolitycznych łowców mamutów. Archeologia pokazuje, że na południowej Syberii istniało przynajmniej jedno miejsce schronienia przez cały okres Wielkiego Mrozu. Linie genetyczne, które przetrwały, mówią nam, że przynajmniej niektórzy ludzie przeżyli w tych azylach okres najgorszego zimna. Jednego możemy być pewni, że nawet jeżeli tylko niewielu przetrwało, inni – skoro tylko mieli szansę – próbowali uciec przed coraz większymi chłodami na stepie. Inaczej niż w Europie, gdzie ucieczkę od południa ograniczały Morze Śródziemne i Pustynia Syryjska, Azja Środkowa i Północna oferowała kilka tras przejścia na tereny o bardziej umiarkowanym klimacie: na zachód do Europy Wschodniej, na północny wschód do Beringii i Ameryki, na wschód do Japonii i Korei i na południowy wschód oraz na południe Chin i do Azji Południowo-Wschodniej. Ostatnie miejsce przeznaczenia okazało się najbardziej

atrakcyjne, gdyż w przeciwieństwie do pozostałych jego zamieszkany teren powiększył się dzięki opadnięciu poziomu morza, a nie zmniejszył pochłonięty lodową pokrywą. W rozdziale 6 rozważałem tę przedlodowcową diasporę, zastanawiając się nad dostępnością śladów genetycznych i archeologicznych.

Zaludnienie Ameryk pozostaje dla amerykańskich archeologów kwestią sporną. Niereformowalna stara szkoła upiera się przy polodowcowej ortodoksji pierwszeństwa kultury Clovis, podczas gdy inni zostali przez późniejsze odkrycia przekonani o przedlodowcowej migracji, a lingwiści nie są w stanie dostarczyć amunicji żadnej stronie akademickiego sporu. Społeczność genetyków dla odmiany raczej się zgadza, że większość (jeżeli nie wszystkie) amerykańskich linii założycielskich dotarła do Ameryki Północnej przed maksimum zlodowacenia, między 22 000 a 30 000 lat temu. Pierwsza data dobrze pasowałaby chronologicznie i genetycznie do przedlodowcowej ucieczki omówionej w rozdziale 5. Nie wszystkie amerykańskie linie założycielskie pochodzą z północy Azji Środkowej: przynajmniej jedna pasuje genetycznie do Japonii, a teoria wielu źródeł wydaje się bardziej prawdopodobna. Często odsądzana od czci i wiary metoda mierzenia głów również skłania do uznania, że pierwsi Amerykanie nie przybyli z pojedynczej azjatyckiej ojczyzny i stanowią raczej mieszaninę mongoloidów, rasy kaukaskiej i silniej zbudowanych mieszkańców terenów wybrzeża Pacyfiku.

Tak jak w Europie, po szczycie zlodowacenia nastąpiła ponowna ekspansja oryginalnych, paleolitycznych linii założycielskich w Beringii i na dalekiej północy Ameryki. Stąd wzięły się wyraźnie odmienne ludy Arktyki i regionów subarktycznych odkryte w Kanadzie i na zachodnim wybrzeżu.

CZY CZYTELNIK MI UWIERZY?

Julian Barnes opisał *Historię świata w dziesięciu i pół rozdziałach* (*A History of the World in 10½ Chapters*). Przedstawienie historii genetyki sprzed 10 000 lat w jeszcze mniejszej ich liczbie to ambitne

zadanie. Nieuchronnie natrafiamy na regiony, takie jak wschód i północny wschód Azji, gdzie ślad pozostawiony przez kości, kamienie, a nawet nośniki genów słabnie lub jest zmieszany z nakładającymi się warstwami. Przy tak znacznej liczbie proponowanych rekonstrukcji paleolitycznej prehistorii można by mi zarzucić, że mimo tych wszystkich informacji bardziej bawię się w zgadywankę, niż próbuję snuć uzasadnione dywagacje. Jednakże znajduję się w bardzo dobrym towarzystwie. Wszystkie pisane przez wielu autorów przeglądy opublikowane w ciągu kilku ostatnich lat ilustrują mapy świata ozdobione girlandami wielkich strzał obejmujących cały świat. W pracach pisanych przez genetyków, archeologów i paleontologów mapy różnią się znacznie między sobą, gdyż genetyczna historia człowieka jest otwartym polem.

Dążenie w stronę wielodyscyplinarnej syntezy jest sprawą podstawową, gdyż żadna pojedyncza nauka nie dysponuje pełnią informacji. W niektórych częściach rekonstrukcji, zwłaszcza dotyczących datowania, synteza korzysta ze wzajemnego wsparcia różnych dyscyplin, łącząc dostarczane dowody w logiczną całość, niewidoczną na podstawie informacji częściowych. Oczywiście istnieje niebezpieczeństwo zapożyczeń i kręcenia się w koło, gdyż część historii może do siebie przypadkowo, choć fałszywie pasować.

Zamiast obrony moich spekulacji (na co zresztą już za późno), chciałbym powiedzieć coś o jakości dowodów – gdzie istnieje genetyczny konsensus, gdzie go nie ma, ale jak sądzę, dowody są dobrej jakości, a gdzie są wątpliwe i spodziewam się uniesienia brwi ze zdziwienia. Bez tego istnieje spora szansa, że dobry dowód może zostać uznany za ulepiony z tej samej gliny co podejrzany.

Wyjście z Afryki jest bezpieczne. Wśród genetyków pracujących na tym polu zaledwie kilku wątpi, że ostatnie ekspansje ludzi rozumnych z Afryki zastąpiły istniejących wcześniej *Homo sapiens* i starsze ludzkie gatunki na całym świecie. Możliwość istnienia kilku genetycznych śladów wcześniejszych nieafrykańskich linii uporczywie utrzymujących się między współczesnymi ludźmi pozostaje teoretyczna. Genetyczna logika hipotezy *pojedynczego* wyjścia z Afryki jest niemal nieunikniona, choć wbrew oczekiwaniom nie została jeszcze ogólnie zaakceptowana przez wszystkich genetyków

i archeologów. *Południowy szlak* wyjścia z Afryki przez Morze Czerwone został dawno rozpoznany przez zoologów jako sucha trasa migracji ssaków w okresie pliocenu, ale dopiero ostatnio ukazano go jako jedną z kilku możliwych równoległych tras przejścia ludzi rozumnych. Nadal pokutuje mit północnej trasy Europejczyków.

W tej książce oferuję syntezę dowodów genetycznych i innych; wszystkie wskazują na *pojedyncze południowe wyjście* z Erytrei do Jemenu i na to, że wszystkie nieafrykańskie męskie i żeńskie linie genetyczne rozpoczęły się od właściwych, wywiedzionych z Afryki, pojedynczych linii założycielskich w Azji Południowej (lub przynajmniej gdzieś w okolicy południowego wyjścia). Logikę genetyczną uznaję za solidną podstawę tej syntezy i na niej opieram resztę mojej rekonstrukcji ludzkiej diaspory. Oczywiście wybór „punktu startowego" determinuje wszystkie następne szlaki naszych przodków i kuzynów. Jakie były ich postępy w drodze, możemy poznać jedynie po rezultatach, jakimi są specyficzności znaczników w regionalnych rozkładach gałęzi genetycznych dzisiaj. Geograficzna przejrzystość tak męskich, jak i żeńskich drzew genetycznych jest wielkim postępem w stosunku do zamazanego interregionalnego obrazu uzyskiwanego za pomocą starszych badań genetycznych. Stopień segregacji linii na różne kraje i kontynenty jest sam w sobie dobrym dowodem na to, że po dotarciu do wybranych miejsc i zamieszkaniu w nich pionierzy na ogół tam pozostawali, przynajmniej do szczytu ostatniego zlodowacenia, który zmusił część z nich do zmiany miejsca. Ten konserwatywny aspekt naszej genetycznej prehistorii daje nam także częściowe wyjaśnienie faktu, że patrząc na osobę, możemy zwykle powiedzieć, skąd pochodzą jej bezpośredni przodkowie (przynajmniej podać kontynent) oraz określić różnice, które niektórzy z nas nazywają „rasą".

Dalej na szlaku, na północ i wschód od Indii, genetyczna rekonstrukcja tras staje się coraz bardziej spekulacją, choć niektóre ślady są wyraźniejsze od innych. Wczesna trasa do Australii jest prosta, a data australijskiej kolonizacji, jeżeli okaże się pewna, również czyni wędrówkę przeszukiwaczy plaż wokół Oceanu Indyjskiego przez Azję Południowo-Wschodnią praktycznie jedynym możliwym przedsięwzięciem. Głębokie różnice genetyczne między

Nową Gwineą i Australią dobitnie wskazują, że nastąpiły przynajmniej dwie oddzielne, wczesne kolonizacje tych terenów.

Późna kolonizacja Europy i Lewantu raczej z Zatoki Perskiej niż Afryki Północnej jest moim pomysłem wywiedzionym ze struktury drzewa genetycznego. Zgrabnie tłumaczy, dlaczego Azja Zachodnia i Europa, jedyne wśród nieafrykańskich regionów, są pozbawione azjatyckiego superklanu M. Późną kolonizację Lewantu tłumaczy suchym klimatem panującym dawniej niż 50 000 lat temu, zamykającym dostęp z Zatoki Perskiej do Lewantu. Znacząca poprawa klimatu mniej więcej 50 000 lat temu otworzyła korytarz Żyznego Półksiężyca, umożliwiając migrację na północny zachód do Lewantu, na Kaukaz i do Europy.

Wyjaśnienie zaludnienia reszty Eurazji staje się coraz bardziej oparte na domysłach. Kolonizacja Azji Wschodniej przybrzeżną trasą przeszukiwaczy plaż oraz Azji Środkowej i Północnej przez manewr oskrzydlający z obu stron Himalaje to po prostu najlepsze geograficzne wyjaśnienie dostępnych danych genetycznych. Zalanie wschodnioazjatyckich równin przybrzeżnych przez tłum uciekinierów z wysokich stepów Azji w okresie maksimum zlodowacenia to również mój pomysł mogący wywołać zdziwienie. Nie ma jednak żadnego alternatywnego wyjaśnienia obecnego rozkładu linii genetycznych i typów fizycznych w Azji Wschodniej, a gwałtowne archeologiczne zmiany w Japonii i Korei w szczycie zlodowacenia bardzo sugestywnie wskazują na wtargnięcie kultur Azji Środkowej z okresu górnego paleolitu.

Zastanawiając się nad zaludnieniem Ameryk, wybrałem przekonujący genetyczny konsensus wejścia wszystkich linii mniej więcej w czasie maksimum zlodowacenia lub przed nim, jednocześnie spoglądając z perspektywy ludzkich zachowań na przyczyny archeologicznego kryzysu w sprawie Clovis.

KILKA SŁÓW O PREHISTORYCZNYCH DATACH

Precyzja datowania zmienia się zależnie od metody, jaką posłużono się do jej uzyskania. Nawet datowanie węglowe nie jest wolne od błędów. W pewnych okolicznościach daty uzyskane z linii genetycznych za pomocą zegara molekularnego są bardzo przydatnym potwierdzeniem dat archeologicznych. Jednakże mitochondrialny zegar molekularny jest wciąż w trakcie doskonalenia, a wykorzystywanie chromosomów Y do datowania pozostaje sporne. Ponadto, ponieważ zegar molekularny zależy od nieczęstych przypadkowych mutacji, wymaga wielu pomiarów (tzn. ludzkich próbek różnych typów genetycznych), aby uzyskiwać wyniki w miarę wiarygodne. A to oznacza, że wiele dat archeologicznych uzyskiwanych ostatnio metodą radiowęglową jest o wiele bardziej precyzyjnych i pewnych. Jednakże daty radiowęglowe ze stanowisk archeologicznych ze szczytu ostatniego zlodowacenia są obarczone konsekwentnym błędem, a dla obiektów liczących znacznie powyżej 40 000 lat metoda staje się niewiarygodna. Ten pułap 40 000 lat dla zegara genetycznego nie istnieje. Jedyne rzeczywiście wiarygodne daty genetyczne to te, które można jednoznacznie powiązać z zapisem klimatycznym, jak nowsze wyznaczone przez słoje drzew i analogiczne warstwy znajdowane w rdzeniu grenlandzkich lodowców sięgających wstecz 100 000 lat i więcej. W tych rdzeniach znajdujemy dokładny i szczegółowy zapis. Na przykład możemy teraz zobaczyć daty częstych ociepleń i interglacjałów, które wpływały na wegetację i ruchy ludzkich społeczności. W naszej historii najdokładniej datowanym, dramatycznym i jednoznacznym zdarzeniem sprzed ostatniego zlodowacenia był wybuch wulkanu Toba na Sumatrze 74 000 lat temu. Popioły Toby znajdujemy również w lodach Grenlandii i podmorskim rdzeniu Oceanu Indyjskiego, co pozwala na precyzyjne datowanie.

Wysunąłem się przed orkiestrę, umieszczając ludzi rozumnych w Malezji przed tą datą na podstawie wykopalisk w Kota Tampan, gdzie znaleziono narzędzia pod grubą warstwą popiołów wulkanicznych Toby. Kluczowymi narzędziami są bez wątpienia artefakty, a popiół spadł bezpośrednio z nieba 74 000 lat temu. Jednakże pomimo opinii większości, że narzędzia z Kota Tampan są

rękodziełem ludzi rozumnych, istnieje jednak teoretyczna możliwość, iż zostały wykonane przez inne istoty ludzkie, gdyż na tym stanowisku archeologicznym nie znaleziono żadnych kości mogących potwierdzić osobowość wytwórców. Jedynymi równie starożytnymi szczątkami ludzkimi w tym regionie są ostatnio ponownie datowana czaszka z Liujiang i część szkieletu z południa Chin. Data najwcześniejszego zasiedlenia Flores (wschodnia Indonezja) przez ludzi rozumnych ma zostać opublikowana.

Miałem kilka uzasadnionych powodów, by oprzeć się na wątpliwym powiązaniu: przede wszystkim logika skolonizowania Australii podczas niskiego stanu wód przed 70 000 lat oraz rosnąca liczba dat genetycznych spoza Afryki z łatwością sięgających wstecz do tamtych czasów. Następny niski stan morza, umożliwiający kolonizację Australii, miał się zdarzyć około 50 000 lat temu, lecz nie pasował tak dobrze do innych dowodów.

Kłopotem nad miarę jest trudność przekonania australijskich archeologów, że Australia została skolonizowana wcześniej niż 60 000 lat, powiedzmy właśnie 70 000 lat temu. Problemem utrudniającym datowanie ludzi rozumnych poza Afryką w okresach znacznie przekraczających wiek 45 000 lat jest pułap metody radiowęglowej. Gdybyśmy mieli polegać wyłącznie na datowaniu radiowęglowym, cała historia ludzkości mogłaby się zaczynać nieco ponad 40 000 lat temu. Tylko kilka starszych dat z Australii (na przykład około 60 000 lat) udało się uzyskać innymi metodami, lecz zrodziły tyle problemów, że łatwo można je podważyć. Moglibyśmy przyjąć, że kolonizacja Australii zbiegła się akurat z pułapem możliwości datowania metodą radiowęglową, lecz prawdopodobnie byłaby to nieprawda. Najbezpieczniej oczywiście stwierdzić, że data pierwszej kolonizacji jest nieznana. W tej opartej na domysłach syntezie skłaniałbym się raczej ku wcześniejszej dacie dopasowanej do Kota Tampan i niskiego poziomu mórz niż do drugiej późniejszej i dokładniejszej, lecz która może ostatecznie okazać się nieprawdziwa.

Wybuch Toby jest przez niektórych uważany za przyczynę wyginięcia światowej populacji w wyniku „zimy nuklearnej”, która po nim nastała. Wziąłem to pod uwagę w mojej rekonstrukcji. Indie

doznały impetu olbrzymiego opadu popiołów i mogło je dotknąć masowe wymarcie, gdyż pióropusz pyłów rozpostarł się z Sumatry przez Ocean Indyjski na północny zachód. Może to wyjaśniać, dlaczego większość indyjskich podgrup M nie występuje nigdzie indziej w Azji, a daty reekspansji klanów M są paradoksalnie późniejsze w Indiach niż gdziekolwiek indziej w Azji i Australazji.

A CO Z PRZYSZŁOŚCIĄ?

Sądzę, że nie będzie tak usłana różami, jak niektórzy mogą oczekiwać. Jak wszystkie inne gatunki, w naszej ewolucji i przetrwaniu jesteśmy poddani sterującym i formującym wpływom zmieniającego się środowiska, niezależnie od tego, czy jego zmiany są wynikiem cyklów lodowcowych, czy naszej rozrzutnej eksploatacji zasobów planety. Jedna lekcja płynąca z przeszłości w wielkiej skali czasowej to nawracanie maksimów zlodowaceń. Wiadomo, że w końcu nadejdzie następne zmrożenie, które nam zagrozi i zmusi do przejścia przez kolejne wąskie gardło. Trudno przecenić wpływ, jaki cykle zlodowaceń mają na nasz los na planecie. W długim okresie efekty globalnego ocieplenia mogą być czymś niewiele większym od błyśnięcia na drodze do szczytu następnego zlodowacenia.

Jednakże w krótszym czasie podlegamy wielu znaczącym naciskom. Kluczowym tematem rozważań w tej książce jest różnorodność genetyczna, która w istocie polega na z wolna ewoluującej dywersyfikacji linii mitochondrialnego DNA i chromosomu Y, pomocnej w śledzeniu naszej przeszłości. Dotąd nie podkreślałem faktu, że nasza *całkowita* genetyczna różnorodność pozostaje stosunkowo niska, gdyż nadal odzyskujemy siły po ostatnim cyklu zlodowacenia i poprzednich wąskich gardłach. Brak zróżnicowania gatunków czyni nas podatnymi na zakaźne pandemie w stłoczonych, interaktywnych społecznościach.

RÓŻNORODNOŚĆ, RÓŻNORODNOŚĆ, RÓŻNORODNOŚĆ

Oto anegdota. Gdy pracowałem w Hongkongu, jednym z moich starszych wykładowców była urocza i otwarta tajwańska kardiolog pediatra. Zapytała mnie pewnego razu, jaka jest różnica między zabiciem tygrysa w celu pozyskania części jego ciała a zaszlachtowaniem bydła. Nie był to brak wrażliwości. Nie używała w medycynie kości tygrysa, współczuła im i bolała nad ginięciem tak pięknych zwierząt. Nie zgadzała się na handel; ale nie przekonywał jej narzucony zachodni argument filozoficzny, że zabicie jednego wielkiego zwierzęcia było niemoralne, a drugiego nie. Patrząc z niezaangażowanego, logicznego punktu widzenia, nie mogła również pojąć, dlaczego o wiele ważniejsze jest zachowanie dla nas pięknego gatunku ssaków niż, powiedzmy, gryzonia.

Podrapałem się w głowę, szukając stosownej filozoficznej odpowiedzi na tak postawione pytanie, która omijałaby kwestię, czy w ogóle mamy prawo odbierać zwierzęciu życie, i nie odwoływałaby się do estetycznego uroku wielkich kotów. W końcu myślę, że wytłumaczyłem jej obiektywną różnicę między zabijaniem członków dwóch wielkich gatunków, jednego dzikiego, drugiego hodowlanego, z punktu widzenia zachowania biologicznej różnorodności i odmienności.

Bydło domowe, jako całość, cechuje odziedziczona po przodkach (turach) bardzo niewielka różnorodność genetyczna, którą mamy w milionach kopii. Udomowianie gatunków zawsze prowadzi do zmniejszania ogólnej różnorodności, choć może tworzyć wariacje specyficznych cech, takich jak wielkość. Każdy z kilku tysięcy pozostałych dzikich tygrysów natomiast wciąż zachowuje w znaczącej proporcji oryginalną różnorodność ras, więc każdy tygrys jest dla gatunków unikatowym skarbcem genetycznym, o wiele cenniejszym niż krowa. Zatem, abstrahując od faktu, że tygrysy są o wiele bardziej zagrożone wyginięciem niż krowy, zabicie tygrysa proporcjonalnie o wiele silniej wpływa na różnorodność gatunków niż zabicie krowy.

Innemu wielkiemu kotu, gepardowi, grozi wyginięcie jeszcze szybciej niż tygrysowi. Wcale nie z powodu ich małej liczby, lecz dlatego, że wśród dzikich gepardów nie ma właściwie żadnej różnorodności, wszystkie są niemal spokrewnione, tak jakby jedynie pojedyncza para przeżyła ostatnie zlodowacenie. Niespodziewanie pod względem genetycznej różnorodności nie-Afrykanom bliżej do gepardów i bydła domowego niż do tygrysów, gdyż wszyscy mogą prześledzić swoje linie genetyczne wstecz do kilku ojców i matek, którzy opuścili Afrykę zaledwie 80 000 lat temu.

Co tak ważnego jest w różnorodności poza estetycznym aspektem odmienności? Odpowiedzią jest przeżycie. Przypadkowa różnorodność jest paliwem natury i ewolucji. Bez przypadkowo generowanej genetycznej różnorodności gatunkom zabrakłoby elastyczności koniecznej do przeżycia i przystosowania się do różnych warunków środowiska. Przypadkowa różnorodność potrzebuje wielu pokoleń, by rozwinąć się wśród potomstwa jednej pary, więc gatunki, które przeszły przez wąskie genetyczne gardło, mają wiele do nadrobienia.

ZABÓJCZA CHOROBA

Być może czytelnik zdziwi się, gdy powiem, że wciąż jest na nas wywierana ewolucyjna presja. Najlepszym i najważniejszym przykładem wciąż obecnego i wciąż zmiennego ewolucyjnego nacisku jest choroba zakaźna. Bakterie i wirusy ewoluują znacznie szybciej od nas. Do zwalczania nowych odmian choroby, jakimi ewoluujące zarazki nas atakują, każdy z nas dysponuje cechującym się różnorodnością układem odpornościowym, który pozwala identyfikować nowe odmiany zakażeń i ustanawiać specyficzną obronę. Zdolność rozpoznawania i zwalczania bogactwa różnych chorób zakaźnych jest zdeterminowana genetycznie. Zawarta w nas różnorodność odpowiedzi immunologicznej jest jednak ograniczona i zależy częściowo od poszczególnych zarazków, jakie nasza społeczność napotkała w przeszłości.

Większość takich genetycznych wariacji odporności na chorobę działa za pośrednictwem adaptacyjnego układu odpornościowego. Niektóre populacje dysponują silniejszą odpowiedzią na pewne choroby, które mogły dotykać ich przodków w przeszłości. Z takim przykładem zetknąłem się, pracując w Hongkongu, gdzie etnicznie chińskie dzieci niemal nigdy nie zapadały na meningokokowe zapalenie opon mózgowych. Zwykle rozwijała się u nich wykrywalna w krwi immunologiczna odpowiedź specyficzna dla meningokoków, ale w przeciwieństwie do Europejczyków i innych niechińskich grup choroba nie rozwijała się, a dzieci również nie stawały się nosicielami zarazków. Tymczasem najpowszechniejszym organizmem chorobotwórczym wśród Chińczyków z Hongkongu chorych na meningokokowe zapalenie opon jest tuberculosis bacillus, który jest niezwykle rzadką przyczyną zapalenia opon mózgowych wśród innych rozwiniętych populacji. Oznacza to, że różne współczesne społeczności osiągnęły różną jakość odporności immunologicznej na różne specyficzne choroby.

Nasza wewnętrzna obrona przeciw innym infekcjom, takim jak malaria, nie jest wyłącznie immunologiczna. Pewne powszechne w tropikach choroby genetyczne w rezultacie ewolucyjnej selekcji bezpośrednio nie pozwalają na efektywne rozmnażanie się pasożytów malarycznych. Ten mechanizm genetycznej ochrony przed chorobą w przypadku malarii, jednego z najgroźniejszych zabójców, polega na dziedzicznym schorzeniu krwinek czerwonych, w których pasożyty starają się zadomowić. To genetyczne schorzenie, znane pod ogólną nazwą talasemii, jest powszechne w regionach, w których malaria jest lub była niedawno powszechna. Nazwa pochodzi od oznaczającego morze greckiego słowa „Θάλασσα”; ma to związek z wysokim wskaźnikiem zachorowań na te choroby na niektórych wyspach śródziemnomorskich, na przykład na Cyprze. Jednakże są to choroby występujące we wszystkich regionach tropikalnych i subtropikalnych.

W miarę ewoluowania gospodarza przygotowującego obronę przed zarazkami one same w pośpiechu ewoluują same, aby ominąć obronę. Problem w tym, że ich ewolucja jest szybsza od naszej. Najprzebieglejsze są te, które nie zabijają swego gospodarza.

Niestety, nie wszystkie zarazki zdają sobie z tego sprawę. Ta ewolucyjna rozgrywka chorób zakaźnych i zwierzęcych często bierze zły obrót dla gospodarzy, gdy zarazki przeskakują z jednego gatunku na inny. Niektóre z naszych najzjadliwszych chorób wirusowych i bakteryjnych, łącznie z dżumą dymieniczą, pochodzą od zwierząt żyjących dziko w rejonach, na które dokonaliśmy inwazji. Innym takim „autostopowiczem" jest wirus ludzkiego niedoboru odporności (HIV), który obecnie wysunął się przed gruźlicę i malarię w roli głównego zabójcy.

Istnieje samouspokajający wygodny mit, że AIDS jest zarazą, która wymknęła się spod kontroli, wyjątkowo śmiertelną, gdyż atakującą układ odpornościowy organizmu i coś takiego więcej się nie zdarzy. Przeciwnie, stanowi ona ostrzeżenie przed kompleksowym oportunizmem chorób zakaźnych, z którym będziemy się stykać coraz częściej i częściej w miarę kolonizowania różnych kątów naszego kurczącego się świata. Tak czy inaczej, dwie odmiany wirusa, HIV1 i HIV2, mogą wywodzić się niezależnie od różnych gatunków afrykańskich ssaków naczelnych. Z kolei nasze zamiłowanie do podróży międzykontynentalnych i ożywione kontakty międzyludzkie pomagają rozprzestrzeniać się chorobom, które w przeszłości mogły pozostawać lokalne. Gdy to piszę, nowa choroba zakaźna oznaczona akronimem SARS pojawiła się w południowych Chinach i została po prostu dodana do listy egzotycznych i poważnych infekcji mogących pochodzić od zwierząt, a następnie, z pomocą samolotów przenoszona od człowieka do człowieka, rozprzestrzeniła się na inne kraje.

INTERWENCJA GENETYCZNA

Jedną z odpowiedzi na rosnącą groźbę chorób pandemicznych wydaje się interwencja genetyczna. Co kilka tygodni filmy dokumentalne i czasopisma informują nas o postępach genetycznego przewidywania i interwencji, które mają zmienić nasze życie i życie przyszłych pokoleń. Obiecuje się, że choroby genetyczne zostaną

wytępione i bogaci ludzie będą mogli specjalnie zaprojektować sobie dzieci lub wziąć gotowy klon z półki.

Diagnostyka prenatalna i poradnictwo genetyczne w celu wykrywania śmiertelnych i ciężkich genetycznie zdeterminowanych chorób krwi działa już od lat, radykalnie zmieniając życie jednostek. Ma to olbrzymi wpływ na takie kraje jak Cypr, gdzie odnotowujemy wysoki wskaźnik betatalasemicznych mutacji w wyniku wcześniejszej selekcji malarycznej. Badania i interwencje w tym kierunku będą kontynuowane.

Jednakże interwencja genetyczna nie może zwiększyć naszej zbiorowej genetycznej różnorodności. Odkładając na bok problemy etyczne i techniczne, stwierdzamy fakt, że interwencja genetyczna może jedynie zmniejszyć różnorodność. Odnosi się to zarówno do odrażającej koncepcji pozbywania się subiektywnie „niepożądanych" genetycznie jednostek, co praktykowali naziści na pacjentach z chorobami psychicznymi i innymi oraz na Żydach i Cyganach, jak i do wizji *Nowego wspaniałego świata* zaprojektowanych ludzi. Nawet jeżeli genetycy nowego chowu byliby w stanie zaprojektować szczególnie „dobry model", który znalazłby wielki rynek zbytu wśród potencjalnych rodziców, będzie to doświadczenie daremne. Rozpowszechniające się między nami klony takich superludzi zredukowałyby różnorodność naszego stada, zwiększając jego podatność na nowe choroby zakaźne. Nasza najnowsza technologia może nie być zdolna do stworzenia drogi ucieczki z więzienia, jakim może stać się nasza mała planeta dla większości jej mieszkańców.

Interesujące, że dwie cechy charakterystyczne naszego gatunku, które interesują nas najwięcej, rozmiar mózgu i długowieczność, są potencjalnie podatne na proste genetyczne zakłócenia, i ta pierwsza bardziej niż druga. Wydaje się prawdopodobne, że naukowcy, gdyby im pozwolono, mogliby w ciągu kilkudziesięciu lat, na podstawie dzisiejszej wiedzy, „zrobić" człowieka nawet z większą korą mózgową. Można by tego dokonać albo przez manipulowanie pojedynczymi genami homeotycznymi (genami, które kontrolują rozwój embrionu i organów ciała), albo brutalniej przez wstrzyknięcie produktu jego genu w odpowiednim okresie rozwoju embrionu. Nie

wiem, czy genetycznie skonstruowany „wielki mózg” byłby mądrzejszy. Mam nadzieję nie żyć tak długo, by się o tym przekonać.

Gdy rozpatrujemy długowieczność dla bogatych, być może kryją się w tym jakieś szanse biznesowe... ale są też ostrzeżenia. George Gershwin przedstawił tak sprawę długowieczności Matuzalema w piosence *To niekoniecznie jest tak* (`*It Ain't Necessarily So*) z opery *Porgy i Bess*: „A co to za życie, wszak żadna dziewczyna nie zechce faceta, co ma dziewięćset lat?”. A poza tym istnieje ryzyko przeludnienia. Według pewnej wietnamskiej legendy, ludzie na początku zdobyli nieśmiertelność dzięki grzebaniu zmarłych pod drzewem życia. Pewnego dnia jaszczurka, która miała dość deptania jej ogona przez tłum, zażądała grzebania zmarłych pod drzewem śmierci. Życie stało się wtedy łatwiejsze.

CZY EWOLUCJA SIĘ ZATRZYMAŁA?

Niektórzy genetycy przekonują, że naturalna ewolucja człowieka została zatrzymana, a medycyna pozwala na przystosowanie się do przeżycia dzięki niezwykłym postępom w kontrolowaniu chorób oraz genetycznym interwencjom takim jak doradztwo i badania prenatalne. Wydaje się to absurdem. Większość świata ma ograniczony dostęp do takich luksusów, których ilościowy wpływ na różnorodność światowej populacji jest bez znaczenia. Diagnostyka prenatalna w każdym przypadku interesuje się schorzeniami pojedynczych genów, powodujących poważne choroby w przypadku odziedziczenia po obojgu rodzicach, którzy sami chorując, jeżeli przeżyją, mają poważne kłopoty reprodukcyjne. Ta praktyka nie jest eugeniką.

Dopóki umieramy z powodu chorób, mają na to taki czy inny wpływ nasze geny i dobór ewolucyjny trwa. Poza infekcjami z niewyjaśnionych przyczyn, narasta liczba innych śmiertelnych chorób o podłożu genetycznym. Maleje również koncentracja męskiej spermy. Może to być rezultatem chemicznego zanieczyszczenia środowiska i żywności, a nasza podatność na nie zmienia się i jest

genetycznie zdeterminowana. O ile mamy na uwadze biologiczną ewolucję człowieka, widzimy, że się nie zatrzymała, zaledwie leciutko zwolniła.

W końcu ludzie są produktami tych samych sił ewolucyjnych co wszystkie zwierzęta i tak pozostanie. Mam nadzieję, że docenimy to, zanim będzie za późno. Być może nawet pozbędziemy się arogancji naszego gatunku i zaakceptujemy fakt, że cienką warstwę na powierzchni naszej małej planety dzielimy z naszymi nieczłowieczymi współtowarzyszami, od których jesteśmy uzależnieni. Tylko wtedy pozwolimy światu odzyskać siły po szkodach spowodowanych naszym sukcesem.

Mój syn zapytał mnie kiedyś, czy nowe gatunki ludzkie powstaną w wyniku ewolucji, czy zostaną sztucznie zaprojektowane. Cóż, dałem standardową rodzicielską odpowiedź „to zależy". Zgaduję, że zależy bezpośrednio od tego, do jakiego traktowania nas samych i naszego środowiska skłonią nas nasze różne kultury. Nasze agresywne zachowanie, wspomagane żądaniami zwiększającej się populacji, wywiera na nasze środowisko gigantyczną presję lub nawet prowadzi do wyniszczenia gatunków. W jaki sposób przystosujemy się do naszego cuchnącego gniazda i jak unikniemy jego dalszego zanieczyszczania, również zależy od naszej natychmiastowej zdolności do ewoluowania kultury. Albo przeżyjemy kolejne, spowodowane przez siebie niemal zupełne wymarcie, albo nasi następcy mogą być biologicznie zupełnie inni, a bez wątpienia będą inni pod względem kultury.

Dodatek 1

Rzeczywiste córki Ewy

Dwie następne strony: Nazwy linii mtDNA. Tabela ma służyć szybkiemu odnajdowaniu zgodnych z konwencją nazw najpowszechniejszych pozaafrykańskich linii mtDNA, stosowanych w tej książce.

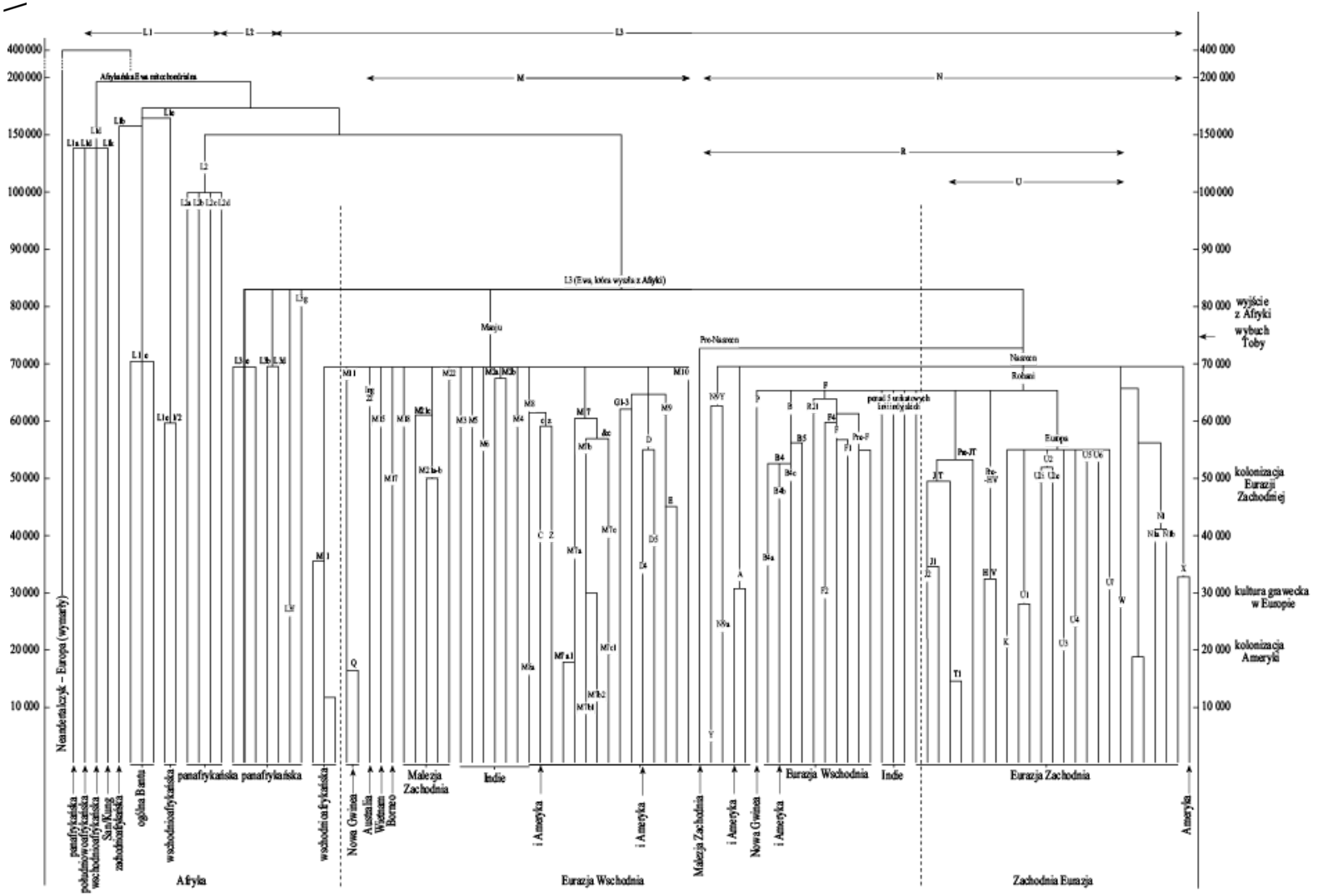
Pełne światowe drzewo mtDNA. Mitochondrialna Ewa jest matką wielu córek. Najstarsza gałąź ma około 190 000 lat. Wszystkie nieafrykańskie gałęzie pochodzą od dwóch córek, Manju i Nasreen, linii L3 (Ewy, która wyszła z Afryki), którą datujemy na 83 000 lat temu. Od 70 000 lat mamy ogólnoświatowy, drastyczny rozrost gałęzi córek, który nastąpił po wielkiej eksplozji wulkanu Toba. Charakterystyczny rozkład regionalny jest pokazany w stopce gałęzi. (Gałęzie datowane przez autora tam, gdzie było możliwe uzyskanie kompletu danych; zob. przyp. 22 w rozdziale 1).

Linie Ewy poza Afryką (mtDNA)

nomenklatura mtDNA*	**(zawiera podgrupy)**	**rozkład w regionach nieafrykańskich**	**nazwa w głównym tekście**
L3	(wszystkie nie-L)	wszystkie nieafrykańskie	Ewa, która wyszła z Afryki
2 córki Ewy, która wyszła z Afryki:			
N	wszystkie nie-M/nie-L	wszystkie nieafrykańskie	Nasreen
M	wszystkie nie-N/nie-L	wszystkie z wyjątkiem Zach. Eurazji	Manju
wiele córek Nasreen:			
N1	–	Zachodnia Eurazja	NS**
N2	–	Zachodnia Eurazja	NS
I	–	Zachodnia Eurazja	NS
W	–	Zachodnia Eurazja	NS
R	(B, F, U, HV, , JT)	Cala Eurazja i Ameryka	Rohani
X	–	Zachodnia Eurazja i Ameryka	X
A	–	Wschodnia Eurazja i Ameryka	A
N9	(N9a, Y)	Wschodnia Eurazja	NS
Y	–	Wchodnia Eurazja	Y
więcej N w Australii	w trakcie badań	Australia	NS
wiele córek Manju:			
M1	–	Afryka Wschodnia	M1
M2	–	Indie	M2
M3	–	Indie	NS
M4	–	Indie	NS
M5	–	Indie	NS
M6	–	Indie	NS
M8	(C, Z, M8a)	Azja Płn. i Wsch.	NS
M9	–	Azja Wsch.	NS
M10	–	Azja Wschodnia	NS
M11/Q	–	Melanezja	NS
D	(D4, D5)	Azja Płn. i Wsch.	D
E	–	Azja Wschodnia	E
G	–	Azja Wschodnia	G
więcej M w Azji Płd.-Wsch.	w trakcie badań	Azja Płd.-Wsch.	NS
więcej M w Melanezji	w trakcie badań	Melanezja	NS
więcej M w Australii	w trakcie badań	Australia	NS
wiele córek Rohani:			
U	(U1–7)	Eurazja Zachodnia	Europa
HV	(H, pre-V i V)	Eurazja Zachodnia	HV, H, pre-V i V
JT	(J, T)	Eurazja Zachodnia	J T
B	(B1, B2 lub B4, B5)	Azja Wsch. i Płd.-Wsch., Oceania, Ameryka	B i B1, B2
F	(F1, F2)	Azja Wsch. i Płd.-Wsch., Oceania, Ameryka	F
R9	–	Azja Wsch.	R9
R10	–	Melanezja/Oceania	NS
wiele córek Europy:			
U1–7	U1, U2, U3, U4, U5, U6, U7	Eurazja Zach.	U2, U5, U6, U7 i NS

*Richards M., Macaulay V., *Genetic Data and Colonization of Europe: Genealogies and Founders*, w: Colin Renfrew, Katie Boyle (red.), *Archaeogenetics: DNA and the population prehistory of Europe,* MacDonald Institute Monograph 2000, s. 139–141. Uaktualniona wersja używana w tej książce i dostępna online: (http://www.stats.ox. ac.uk/~macaulay/index.html).

** NS = niespecyficzna odsyłacz w tekście; oznacza to np., że linia jest zidentyfikowana w tekście przez jej bezpośrednich rodziców, a w przypisach przez jej specyficzny genetyczny znacznik.


L1
L2
L3
M
N
R
U
L3 (Ewa, która wyszła z Afryki)
Afrykańska Ewa mitochondrialna
Neandertalczyk - Europa (wymarły)
Macro
Pre-Nasreen
Nasreen
Robani
wyjście z Afryki
wybuch Toby
kolonizacja Eurazji Zachodniej
kultura grawecka w Europie
kolonizacja Ameryki
400 000
200 000
150 000
100 000
90 000
80 000
70 000
60 000
50 000
40 000
30 000
20 000
10 000
Afryka
Eurazja Wschodnia
Zachodnia Eurazja
Malezja Zachodnia
Indie
Ameryka
Nowa Gwinea
Australia
Wietnam
Borneo

Dodatek 2

Synowie Adama

Dwie następne strony: używane nazwy linii chromosomu Y. Tabela ma służyć szybkiemu odnajdowaniu zgodnych z konwencją nazw najpowszechniejszych pozaafrykańskich linii chromosomu Y, stosowanych w tej książce.

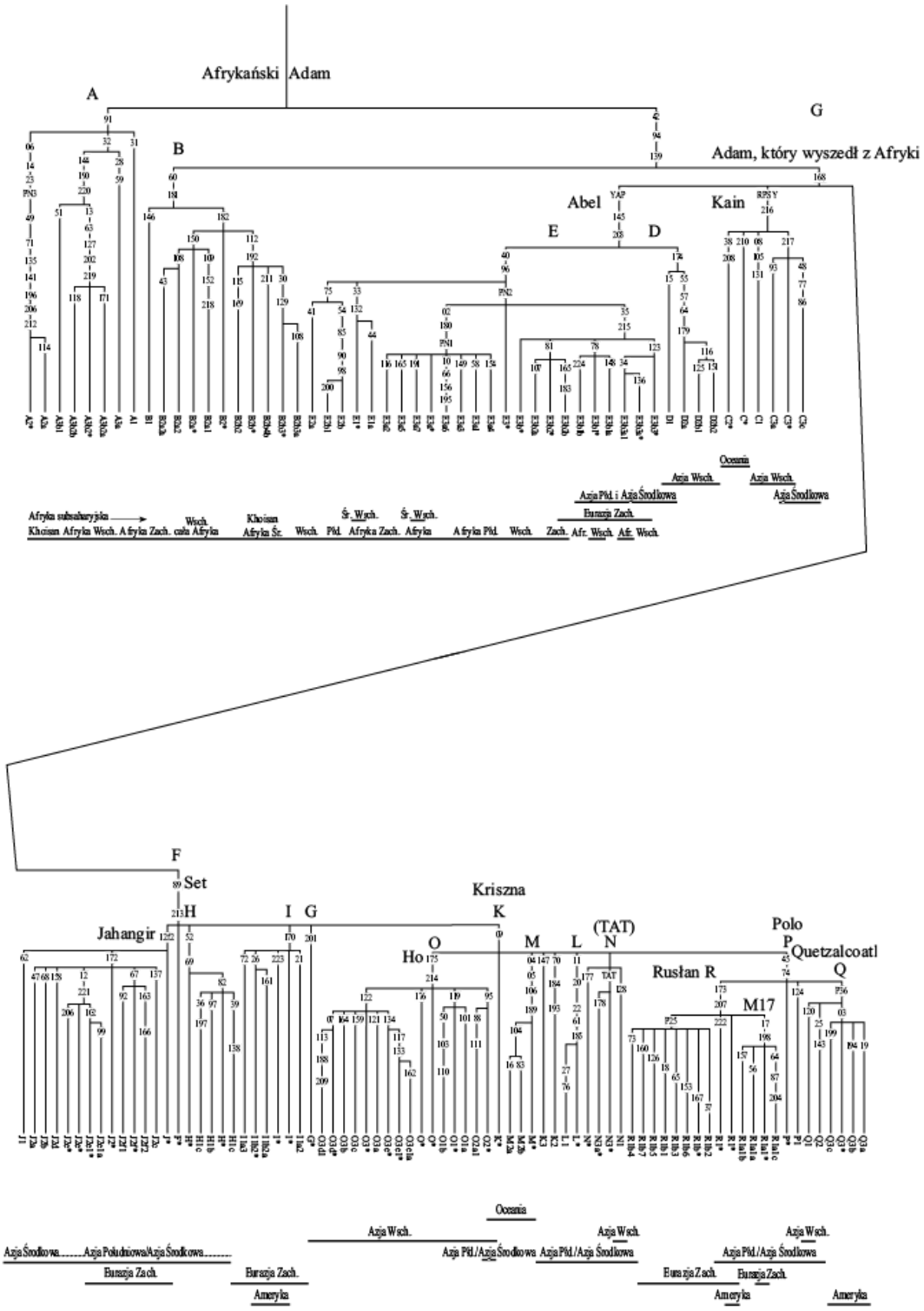
Światowe drzewo chromosomu Y. Afrykański Adam miał ostatecznie przynajmniej tylu synów, ile afrykańska Ewa córek. Wszystkie nieafrykańskie gałęzie pochodzą od M168, Adama, który wyszedł z Afryki, i jego trzech synów: Kaina, Abla i Seta. Specyficzne rozkłady normalne i nomenklatura zostały pokazane w stopkach gałęzi. Datowanie gałęzi nie zostało pokazane, gdyż wśród badaczy brak zgody i w sprawie metody, i kalibracji.

Linie Adama poza Afryka (chromosom Y)

Nomenklatura Y*	(zawiera podgrupy)	znaczniki genetyczne* (region)	nazwa w głównym tekście
	(C-R)	M168 (wszystkie nieafrykańskie)	Adam, który wyszedł z Afryki
3 synów Adama, który wyszedł z Afryki: C bez etykiety F	 - (D i E) (G-R)	 RPS4Y/M216 (przeszukiwacz plaż) YAP/M145 (Środkowy i Daleki Wschód) M89 ((na całym świecie – większość nie-Afrykanów)	 KAIN (biblijny) ABEL/YAP (biblijny) SET (biblijny)
2 synowie Abla/YAP: D E	 - -	 M 174 (Azjatyckie YAP – Daleki Wsch.) M96 (Eurazja Zachodnia)	 SYNOWIE ABLA/YAP SYNOWIE ABLA/YAP
5 synów Seta: G H I J K	 - - - - (L-R)	 M201 (Eurazja, zwł.. Środkowy Wsch.) M52/69 (Indie i Daleki Wschód) M170 (Europa) 12fa (Eurazja) M9 (Eurazja i Ameryka)	 NS** NS INOS (biblijny Enos) JAHANGIR (Mogoł) KRYSZNA (bóg hinduski)
3 synowie Kaina: 3 gałęzie C bez etykiet	 (L-R) (L-R)	 M217 (Azja) M38 (Oceania) M8 (Australia)	 SYNOWIE KAINA lub NS SYNOWIE KAINA lub NS SYNOWIE KAINA lub NS
5 synów Kryszny: L M N O P	 - - - - (Q i R)	 M20/M11/M22 (głównie Indie) M4/M5 (tylko Melanezja) LLY22g/TAT (Azja Śr/Płn. Eurazja) M175/M214 (Chiny i Azja Płd.-Wsch.) M45 (Europa/Azja Śr./Ameryka)	 NS/SYNOWIE KRYSZNY NS TAT Ho (Ho Szi Min) POLO (Marco)
2 synów Polo: Q R	 - -	 P36/MEH2/M3 (Azja Śr. i Ameryka) M207/M173 (Europa/Azja Śr. i Płd)	 QUETZALCOATL RUSŁAN
A syn Rusłana: bez etykiety	 -	 M17 (Europa/Azja Śr. i Płd.)	 M17

* Znaczniki literowe i genetyczne z: The Y Chromosome Consortium, *A Nomenclature System for the Tree of Human Y-Chromosomal Binary Haplogroups*, *Genome Research* 2002, nr 12, s. 339–348. Warto zauważyć, że nie wszystkie znaczniki zostały pokazane.

** NS + niespecyficzne odsyłacze w tekście; oznacza to np., że linia jest zidentyfikowana w tekście przez jej bezpośrednich rodziców, a w przypisach przez jej specyficzny genetyczny znacznik.


Afrykański Adam
A
G
Adam, który wyszedł z Afryki
B
Abel
Kain
E
D
F
Set
H
I
G
K
Kriszna
Jahangir
O
Ho
M
L
(TAT)
N
Polo
P
Quetzalcoatl
Rusłan R
M17
Q
Afryka subsaharyjska
Khoisan Afryka Wsch. Afryka Zach.
cała Afryka
Khoisan Afryka Śr.
Wsch.
Śr. Wsch.
Pld.
Afryka Zach.
Śr. Wsch.
Afryka
Afryka Płd.
Wsch.
Zach.
Afr. Wsch.
Afr. Wsch.
Azja Płd. i Azja Środkowa
Eurazja Zach.
Azja Wsch.
Oceania
Azja Wsch.
Azja Środkowa
Azja Środkowa
Azja Południowa
Azja Środkowa
Eurazja Zach.
Eurazja Zach.
Ameryka
Azja Wsch.
Azja Płd./Azja Środkowa
Azja Płd./Azja Środkowa
Azja Wsch.
Azja Płd./Azja Środkowa
Eurazja Zach.
Eurazja Zach.
Ameryka
Azja Wsch.
Ameryka